



#4

RECEIVED

FEB 5 2003

IN THE UNITED STATES PATENT AND TRADEMARK OFFICE CENTER 1600/2900

Applicants: Weitnauer *et al.*

Serial No.: 10/084,846

Filed: February 25, 2002

Atty Dkt: 1974.005

Group Art Unit: 1616

Examiner: Unassigned

Title: AVILAMYCIN DERIVATIVES

Priority Data: DE 10109166.4 02/25/2001
PCT/EP01/09815 08/24/2001Certificate of Mailing Under 37 CFR §1.8(a)

I hereby certify that this correspondence is being deposited with the U.S. Postal Service as first class mail in an envelope addressed to: Assistant Commissioner for Patents, Washington, D.C. 20231 on January 30, 2003.

Candice J. Clement
Attorney for Applicants
Reg. No. 39,946

Date of Signature: January 30, 2003

Assistant Commissioner for Patents
Washington, D.C. 20231

CERTIFIED COPIES OF FOREIGN PRIORITY APPLICATIONS

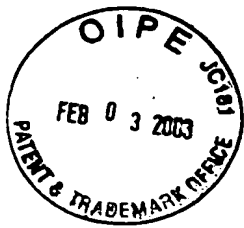
Dear Sir:

At the time of filing the above-captioned patent application, Applicants claimed foreign priority benefits from PCT/EP01/09815, filed August 24, 2001 and DE 10109166.4, filed February 25, 2001. In fulfillment of the requirements of §119, a certified copy of each of the foreign priority documents is enclosed.

January 30, 2003

Respectfully submitted,

CANDICE J. CLEMENT, ESQ.
Attorney for Applicants
USPTO Registration Number 39,946
HESLIN ROTHENBERG FARLEY & MESITI P.C.
5 Columbia Circle
Albany, New York 12203
Telephone: (518) 452-5600
Facsimile: (518) 452-5579



RECEIVED
FEB - 5 2003
TECH CENTER 1600/2900

**Prioritätsbescheinigung über die Einreichung
einer Patentanmeldung**

Aktenzeichen: 101 09 166.4

Anmeldetag: 25. Februar 2001

Anmelder/Inhaber: Combinature Biopharm AG, Berlin/DE

Bezeichnung: Avilamycin-Derivate

IPC: C 08 B, C 12 P, C 12 N

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

München, den 18. Februar 2002
Deutsches Patent- und Markenamt

Der Präsident

Im Auftrag

Weihmayr

25. Februar 2001

5

Anmelderin:

Combinature Biopharm AG

Robert -Rössle-Str. 10

10

13125 Berlin

Avilamycin-Derivate

15

Die Erfindung betrifft Avilamycin-Derivate, gentechnologische biosynthetische Verfahren zu deren Herstellung, Arzneimittel enthaltend diese Verbindungen, sowie die Verwendung dieser Verbindungen zur Herstellung eines Arzneimittels, bspw. gegen Infektionskrankheiten, wie
20 auch Nukleinsäuren, Proteine und Gencluster und entsprechende Zellen, die mit der Herstellung dieser Avilamycin-Derivate verbunden sind.

Das Aufkommen pathogener, gegen Antibiotika multiresistenter Bakterien stellt eine wachsende Bedrohung der menschlichen Gesundheit dar und
25 hat die Suche nach neuen Wirkstoffen verstärkt. Immer weniger neue Wirkstoffe sind in den letzten zwei Jahrzehnten bei zielspezifischen Wirkstoff-Screenings angefallen, so daß Forscher begonnen haben, neben der Suche nach neuen antibiotischen Wirkstoffen auch neue Technologien zur Herstellung neuer Verbindungen zu nutzen. Eine
30 vielversprechende neue Technologie wird als kombinatorische Biosynthese bezeichnet und benutzt biosynthetische Gene als Mittel zur Herstellung neuer Wirkstoffe.

Eine unter anderem in diesem Kontext interessante Verbindungsklasse sind die Orthosomycine. Sie sind eine bekannte Klasse von Antibiotika, die von verschiedenen Actinomyceten hergestellt werden. Mitglieder dieser Klasse wirken auf eine breite Palette gram-positiver pathogener Bakterien, inclusive glycopeptid-resistenter Enterococci, methicillin resistenter Staphylococcen and penicillin-resistenter Streptococcen.

Prominente Beispiele an Orthosomycinen sind Avilamycin und Everninomicin, die von *Streptomyces viridochromogenes* Tü57 bzw. *Micromonospora carbonacea* hergestellt werden. Diese Antibiotika bestehen aus einer Heptasaccharid-Seitenkette und einer vom Polyketid abgeleiteten Dichloroisoevernin-Säure als Aglykon, wobei die Zucker-Reste zum Teil über Orthoesterbindungen miteinander verknüpft sind. Diese Bindung gibt der ganzen Klasse von Orthosomycinen den Namen. Der genaue Wirkmechanismus der Orthosomycine ist unbekannt. Während für ein bestimmtes Orthosomycin (Ziracin) ein Zellmembraneffekt diskutiert wurde (Walker, 1976; Langer, 1987) wird in neueren Publikationen eine Wechselwirkung mit dem ribosomalen Protein L16 angeführt (Foster und Rybak, 1999). Für ein anderes Orthosomycin, Avilamycin A, wird eine Hemmung der Proteinbiosynthese angenommen und eine Inhibition des Translations-Initiationskomplexes vorgeschlagen (Wolf, 1973).

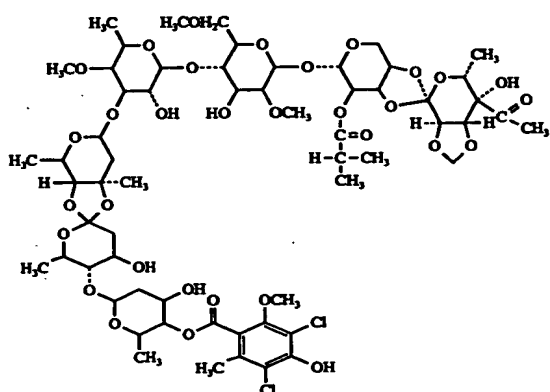
Das bekannte Avilamycin wurde 1959 aus Kulturfiltraten von *Streptomyces viridochromogenes* Tü57 isoliert (Buzzetti, et al., 1968; Mertz et al., 1986). Wie oben bereits angedeutet ist Avilamycin A, eine der Hauptkomponenten, aus Zuckern aufgebaut. Einzelkomponenten sind D-Olucose, 2-Desoxy-D-Evalose, 4-O-Methyl-D-fucose, 2,6-Di-O-Methyl-D-mannose und L-Lyxose. In Studien wies Avilamycin A ausgezeichnete

Aktivität gegen multiresistente *Staphylococcus aureus* - Stämme auf (Zähler, 1999). Neben den Orthoestern soll der terminale Dichlorisoeberninsäure-Rest für die Wirksamkeit essentiell sein (Wright, 1979). Die DE 1116864 beschreibt wie die US 3,131,126 den Stoff

5 Avilamycin inklusive eines allgemeinen Hinweises auf Derivate sowie Herstellung und Wirkung von Avilamycin.

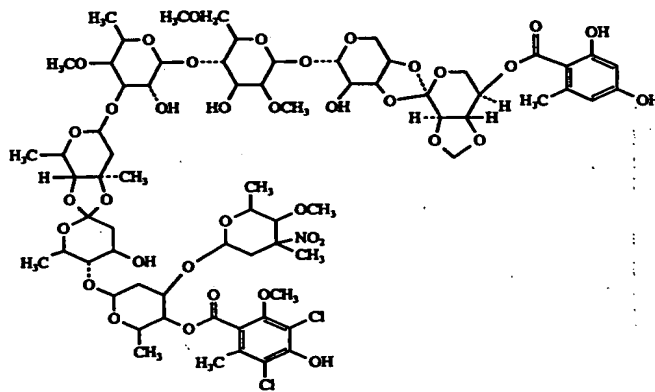
Ebenfalls zur Gruppe der Orthosomycine gehört Ziracin. Ziracin (SCH27899) ist ein Everninomycin und wurde bereits klinisch getestet.

10



15

Avilamycin A



Ziracin

20

Sowohl beim Avilamycin als auch beim Ziracin hat sich in der Praxis allerdings gezeigt, daß der therapeutische Einsatz durch die zu geringe Hydrophilie beschränkt zu sein scheint.

25

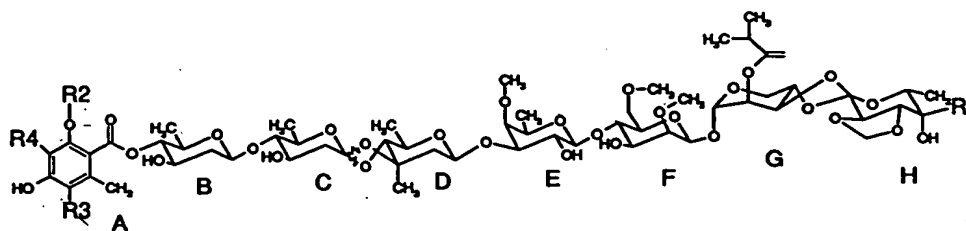
Gerade für die Klasse der Orthosomycine und insbesondere für das Avilamycin dürfte molekulares Klonieren und Charakterisieren der die Biosynthese von Avilamycin A bestimmenden Enzyme von großem Interesse sein, da diese Information die Richtung für die Entwicklung neuer antimikrobieller Antibiotika vorgeben könnte. Die Gene sind ein interessantes System, um die Bildung und Verknüpfung ungewöhnlicher

Desoxyzucker zu studieren und damit unter Umständen für eine kombinatorische Biosynthese von großem Wert.

5 Vorherige Arbeit am biosynthetischen Gencluster von Avilamycin führten zur Entschlüsselung der Sequenz eines NDP-Glucose-Synthase-Gens (aviD [laufende Nr. 53 gemäß Tabelle 1]), eines NDP-Glucose-4,6-Dehydratase-Gens (aviE [laufende Nr. 54 gemäß Tabelle 1]) und eines Polyketid-Synthase-Gens (aviM [laufende Nr. 52 gemäß Tabelle 1]). Diese haben vermutlich eine Funktion als Teil einer iterativen Typ I Polyketid-Synthase zur Bildung von Orsellin-Säure, einem Zwischenprodukt in der Biosynthese von Dichloroisoeberninsäure. Die Expression von *aviM* in *S. lividans* führte zur Bildung von Orsellinsäure [Gaisser, S., Trefzer, A., Stockert, S., Kirschning, A., & Bechthold, A. (1997), J Bacteriol. 179, 6271-6278].

15 Neben dem Auffinden und Identifizieren geeigneter Enzymsysteme und Synthesewege war es daher Aufgabe der Erfindung, neue Antibiotika zur Verfügung zu stellen, insbesondere auch solche, die eine verbesserte Hydrophilie aufweisen.

20 Überraschenderweise stellte sich heraus, daß bestimmte Avilamycin-Derivate - insbesondere mit einem in entscheidenden Bereichen gegenüber dem Avilamycin veränderten Substitutionsmuster - diese Aufgabe lösen können und sowohl antibiotische Wirkung als auch verbesserte Hydrophilie zeigen. Ein Gegenstand der Erfindung ist daher ein Avilamycin-Derivat gemäß allgemeiner Formel I, auch in Form seiner Diastereomere oder Enantiomere bzw. racemischer oder anderer Gemische oder reiner Diastereomere und/oder Enantiomere,



Name of the compound	R1	R2	R3	R4
Avilamycin A	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl
Avilamycin C	CH(OH)CH ₃	OCH ₃	Cl	Cl
Gavibamycin A1	COCH ₃	OH	Cl	Cl
Gavibamycin A3	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl
Gavibamycin B1	COCH ₃	OH	H	H
Gavibamycin B3	CH(OH)CH ₃	OH	H	H

I

15 , worin unabhängig voneinander mit unten folgender Ausnahme

R1 ausgewählt ist aus H, COCH₃, COC₄H₉ oder COCH(CH₃)₂, COCH₂CH₃

20 R2 ausgewählt ist aus H, CHO, COCH₃ oder CH(OH)CH₃,

R3 OCH₃ entspricht,

R4 Cl entspricht,

25

R5 Cl entspricht,

R6 CH₃ entspricht,

30

R7 H, CH₃ oder CH₂OH entspricht,

und

R8 OCH₃ entspricht,

- 5 worin in bezug auf mindestens einen der Reste R2-R8 in Formel I
abweichend von der voranstehenden Definition folgendes gilt:

R3 ist durch OH zu ersetzen,

- 10 R4 ist durch H zu ersetzen,

R5 ist durch H zu ersetzen,

R6 ist durch H zu ersetzen,

15

und/oder

R8 ist durch OH zu ersetzen,

- 20 mit der Maßgabe, daß R1-R8 nicht gleichzeitig die Bedeutungen
gemäß der jeweiligen Kombination in einer der Verbindungen 1 - 6
annehmen können:

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8
1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
2	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
3	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	H	CH ₃	OCH ₃
4	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OH

25

Dabei ist unter dem Ausdruck „mit unten folgender Ausnahme“ zu
verstehen, daß es Ausnahmen von den diesem Ausdruck unmittelbar

folgenden generellen Definitionen der Reste R1-R8 gibt, die mit der Phrase „worin in bezug auf mindestens einen der Reste R2-R8 in Formel I abweichend von der voranstehenden Definition folgendes gilt“ eingeleitet werden.

5

Ggf. können die mit Cl halogenierten Reste, insbesondere R4 und/oder R5, auch durch andere Halogenide, bspw. F oder Br, halogeniert werden.

10

Die erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate zeichnen sich insgesamt neben ihrer überraschend starken antibiotischen Aktivität insbesondere gegen *Staphylococcus aureus*, insbesondere auch durch eine gegenüber den bekannten Orthosomycinen wie Avilamycin A oder C sowie Evernimycin deutlich verbesserten Hydrophilie aus. Gerade diese erhöhte Hydrophilie macht diese Verbindungen aber zu attraktiven, insbesondere

15 antibiotischen Wirkstoffen, da eine erhöhte Hydrophilie in bestimmten therapeutischen Anwendungen sehr erwünscht ist. Außerdem gilt für dieses wie für alle – auch folgend beschriebenen - erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate, daß es eine Struktur aufweist, die sich einer klassischen organischen Synthese nur mit großer Mühe erschließt. Der

20 hier zugrundeliegende Einsatz einer gentechnologischen Biosynthese zu Herstellung der erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate erschließt damit veränderte, neue und bisher nicht zugänglich Wirkstoffe, insbesondere Antibiotika.

25

Bevorzugt ist im Rahmen dieser Erfindung ein erfindungsgemäßes Avilamycin-Derivat, in dem mindestens R3 durch OH zu ersetzen ist, mit der Maßgabe, daß R1-R8 nicht gleichzeitig die Bedeutungen gemäß der Kombination in der Verbindung 1 annehmen können:

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8
1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃

Ebenfalls bevorzugt ist ein erfindungsgemäßes Avilamycin-Derivat, in dem mindestens R4 und R5 in Formel I durch H zu ersetzen sind.

- 5 Besonders bevorzugt ist es weiter, diese Merkmale zu kombinieren, was zu einem erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivat führt, in dem mindestens R3 durch OH und R4 und R5 durch H zu ersetzen sind.

- 10 Ein besonders bevorzugter Gegenstand der Erfindung, der die Aufgabe in besonders günstiger Weise löst, ist dabei ein Avilamycin-Derivat gemäß allgemeiner Formel I, das ausgewählt ist aus Verbindungen, in denen R1-R8 jeweils die in folgender Tabelle angegebene Bedeutung haben, wie folgt kombiniert sind:

R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH ₂ CH ₃	H	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
H	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
H	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COC ₄ H ₉	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₂ OH	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CHO	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	H	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OH
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH ₂ CH ₃	H	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH ₃	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
H	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
H	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃

COC_4H_9	COCH_3	OH	H	H	CH_3	CH_3	OCH_3
$\text{COCH}(\text{CH}_3)_2$	COCH_3	OH	H	H	CH_3	CH_3	OCH_3
COCH_2CH_3	COCH_3	OH	H	H	CH_3	CH_3	OCH_3
$\text{COCH}(\text{CH}_3)_2$	COCH_3	OH	H	H	H	CH_3	OCH_3
$\text{COCH}(\text{CH}_3)_2$	COCH_3	OH	H	H	CH_3	CH_2OH	OCH_3
$\text{COCH}(\text{CH}_3)_2$	CHO	OH	H	H	CH_3	CH_3	OCH_3
$\text{COCH}(\text{CH}_3)_2$	COCH_3	OH	H	H	CH_3	H	OCH_3
$\text{COCH}(\text{CH}_3)_2$	COCH_3	OH	H	H	CH_3	CH_3	OH

Die Aufgabe wird auch durch Avilamycin-Derivate gelöst, die durch ein besonderes Verfahren, das gentechnologische Manipulationen und Bioynthese beinhaltet herstellbar ist. Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist daher ein Avilamycin-Derivat, das dadurch erhältlich ist, daß in einer kultivierbaren Zelle, die die nötigen Gene bzw. Enzyme zur Synthese eines Orthosomycin-Grundkörpers bestehend aus

- 5
- 10 (a) einem endständigen Dichloroisoeberninsäure-Rest (A in Formel I) und
- (b) einem damit veresterten, über normale Esterbindung und Orthoesterbindungen verknüpften Heptasaccharid (B bis H in Formel I) aus:
- 15
- (i) zwei D-Olivose-Resten (B und C)
- (ii) einem 2-Desoxy-D-Evalose-Rest (D),
- (iii) einem D-Fucose (E),
- (iv) einem D-Mannose-Rest (F),
- 20 (v) einem L-Lyxose-Rest (G) und
- (vi) einem (Methyl-)Eurekanat Rest (H)

aufweist, mindestens eine Nukleinsäure, deren Sequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen gemäß

25

laufender Nummer 1 bis 54 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) und Abbildung 1 entspricht oder aber mit einer dieser Sequenzen unter mäßig stringen Bedingungen hybridisiert, gentechnologisch verändert, deletiert und/oder nicht exprimiert wird, die so modifizierte Zelle kultiviert wird, der Kulturüberstand gewonnen und aufgearbeitet wird, das oder die Avilamycin-Derivat/e aufgereinigt und isoliert wird und gegebenenfalls verschiedene Derivate getrennt werden,

mit der Maßgabe, daß R1-R8 nicht gleichzeitig die Bedeutungen gemäß der jeweiligen Kombination in einer der Verbindungen 1 - 16 annehmen können:

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8
1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
2	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
3	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	H	CH ₃	OCH ₃
4	COCH(CH ₃) ₂	CHO	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
5	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	H	OCH ₃
6	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OH
7	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
8	COCH ₂ CH ₃	H	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
9	COCH ₃	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
10	COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
11	H	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
12	COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
13	H	CH(OH)CH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
14	COC ₄ H ₉	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
15	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₂ OH	OCH ₃
16	COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃

Dabei versteht man im Sinne der Erfindung darunter, daß „die Zelle die nötigen Gene bzw. Enzyme zur Synthese eines Orthosomycin-Grundkörpers aufweist“, daß in der Zelle die für die notwendigen Enzyme kodierenden Gene und/oder die funktionsfähigen Enzyme selbst vorhanden sind, die für die Synthese eines „Orthosomycin-Grundkörpers“

aus den üblicherweise vorhandenen Vorstufen nötig sind. Beispiele wären das erfindungsgemäße Gencluster gemäß Abb. 109 oder die „Open Reading Frames“ (ORF) bzw. Gene gemäß laufender Nummer 1-54 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1 bzw. die zugehörigen Enzyme bzw. Proteine gemäß laufender Nummer 55-108 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1.

Die Definition des „Orthosomycin-Grundkörpers“ ist bereits angegeben, wobei die Anordnung der Ortho- und der normalen Esterbindung der Formel I zu entnehmen ist. Einen solchen Grundkörper weisen unter anderem Avilamycin und Evernimycin sowie erfindungsgemäße Avilamycin-Derivate auf (s. Formel I).

Weiter versteht man im Sinne dieser Erfindung unter Gen einen Abschnitt der DNA, von dem ein einzelnes mRNA-Molekül (das dann in ein einzelnes Polypeptid oder Protein translatiert wird) oder ein funktionelles RNA-Molekül (rRNA, tRNA) transkribiert wird.

Im Sinne dieser Erfindung versteht man weiter unter „Open Reading Frame“ (ORF) einen DNA-Abschnitt, der mit einem Start-Codon beginnt, mit einem End-Codon endet und eine ununterbrochenen Folge von Codons für Aminosäuren enthält. Der Begriff „Open Reading Frame“ ORF wird hier zur Beschreibung eines klonierten und sequenzierten DNA-Abschnitts verwendet, der einem Gen entspricht.

Unter Codon versteht man die kodierende genetische Grundeinheit. Sie besteht aus einem Triplett von drei konsekutiven Nukleotiden, die entweder für eine Aminosäure oder den Beginn oder das Ende einer Polypeptidkette kodieren.

Weiter sind im Sinne dieser Erfindung unter kultivierbaren Zellen Zellen zu verstehen, die *in-vitro* in festem oder flüssigem Medium ernährt durch eine flüssige oder verfestigte Nährlösung, dem Kulturmedium, wachsen und sich vermehren. Im engeren Sinne sind dies insbesondere Zellen von
5 Mikroorganismen oder leicht transfizierbare Zellen, in denen entsprechende Gene zur Expression gebracht werden können. Es können dies beispielsweise grampositive und gramnegative Bakterienzellen, wie z.B. Streptomyces-Zellen (z.B. Streptomyces viridochromogenes Tü 57), aber eben auch Systeme wie Säugetierzellen, z.B. CHO-Zellen (Chinesische
10 Hamster Ovary), oder immortalisierte Zelllinien, z.B. HeLa- oder HEK-Zellen, aber auch Insekten-, Fisch-, Amphibien-, Pilze- oder Hefezellen etc. sein.

Unter einer Nukleinsäure versteht man im Sinne dieser Erfindung die
15 Grundeinheit von DNA und RNA und damit insbesondere auch die Grundeinheit eines Gens und eines ORF. Entsprechend kann eine Nukleinsäure ein Gen bzw. einen ORF umfassen und eine bestimmte Nukleinsäuresequenz (die Abfolge der Basen auf dem Phosphat-Zucker-Rückgrat einer Nukleinsäure) entsprechend ein Gen bzw. einen ORF
20 definieren. Unter Nukleinsäure werden auch Sequenzen verstanden, die neben den codierenden Bereichen auch weitere Sequenzbereiche, insbesondere am 5'- oder am 3'-Ende des codierenden Bereichs, enthalten. Diese Sequenzen können funktionslos sein oder aber Promotor- oder Enhancer-Signale, bevorzugt bakterielle bzw. dem zur
25 Expression herangezogenen Wirtszellsystem entsprechende Signale, sein. Ganz besonders bevorzugt sind neben den für die erfindungsgemäßen Proteine codierenden Sequenzbereichen solche Nukleotidsequenzen, die für sog. „Tags“ codieren (bspw. His- oder Flag-Tag), so daß die in den Wirtszellen exprimierten erfindungsgemäßen
30 Proteine bspw. über Affinitätschromatographie ohne weiteres gereinigt werden können. An erfindungsgemäße codierende Nukleotidsequenzen

können damit beliebige Sequenzen vorzugsweise am 5' oder 3'-Ende angehängt werden, die für AS-Sequenzen codieren, die einen Tag (bspw. ein Antigen) zur Bindung an einen Antikörper bspw. auf einer Säule enthalten. Mitoffenbart sind damit auch die AS-Sequenzen, die sich aus
5 der Kombination von codierenden erfindungsgemäßen Nukleinsäuren mit anderen Nukleotidsequenzen ergeben.

Unter gentechnologisch ist im Sinne der Erfindung der Einsatz verschiedener Techniken zu verstehen, mit der DNA in eine Wirtszelle
10 eingebracht wird bzw. DNA einer Zelle spezifisch verändert wird. Darunter fällt z.B. der Einsatz von Klonierungstechniken, Vektoren, Restriktionsenzymen etc..

Entsprechend heißt gentechnologisch verändert, daß ein Eingriff die
15 Basenfolge, die Sequenz, der Nukleinsäure verändert hat, insbesondere die Basensequenz verkürzt (bis hin zur Deletion) oder Mutationen eingebaut wurden, meist mit der Folge, daß die Nukleinsäure (das Gen) nicht oder nur noch verändert in eine mRNA transkribiert werden kann. Deletiert heißt in diesem Falle, daß eine Nukleinsäure, die hier meist ein
20 Gen oder einen ORF umfaßt, ganz oder zumindest weitgehend aus der DNA entfernt wird, so daß die Nukleinsäure (das Gen) nicht oder nur noch verändert in eine mRNA transkribiert werden kann. Nicht exprimiert bedeutet entsprechend, daß die Nukleinsäure so verändert wurde, daß die Nukleinsäure (das Gen) nicht oder nur noch verändert in eine mRNA
25 transkribiert werden kann und entsprechend nicht mehr durch Translation das Polypeptid bzw. Protein entsteht, für das die Nukleinsäure (das Gen oder der ORF) ursprünglich kodiert hat.

Unter mäßig stringenten Hybridisierungsbedingungen werden je nach der verwendeten Nukleinsäure-Sequenz (Oligonukleotid, längeres Fragment oder vollständige Sequenz) bzw. je nachdem, welche Nukleinsäureart (DNA oder RNA) für die Hybridisierung verwendet werden, variierende
5 Standardbedingungen verstanden. So liegen beispielsweise die Schmelztemperaturen für DNA:DNA-Hybride ca. 10 °C niedriger als die von DNA:RNA-Hybriden gleicher Länge. Unter Standardbedingungen sind beispielsweise, je nach Nukleinsäure, Temperaturen zwischen 42 und 58 °C in einer wäßrigen Pufferlösung mit einer Konzentration zwischen 0,1
10 bis 5 x SSC (1 X SSC = 0,15 M NaCl, 15 mM Natriumcitrat, pH 7,2) oder zusätzlich in Gegenwart von 50% Formamid, wie beispielsweise 42 °C in 5 x SSC, 50% Formamid, zu verstehen. Vorteilhafterweise liegen die Hybridisierungsbedingungen für DNA:DNA-Hybride bei 0,1 x SSC und Temperaturen zwischen etwa 20 °C bis 45 °C, bevorzugt zwischen etwa
15 30 °C bis 45 °C. Für DNA:RNA-Hybride liegen die Hybridisierungsbedingungen vorteilhaft bei 0,1 x SSC und Temperaturen zwischen etwa 30 °C bis 55 °C, bevorzugt zwischen etwa 45 °C bis 55 °C. Diese angegebenen Temperaturen für die Hybridisierung sind beispielhaft kalkulierte Schmelztemperaturwerte für eine Nukleinsäure mit einer Länge
20 von ca. 100 Nukleotiden und einem G + C-Gehalt von 50 % in Abwesenheit von Formamid. Die experimentellen Bedingungen für die DNA-Hybridisierung sind in einschlägigen Lehrbüchern der Genetik, wie beispielsweise bei Sambrook et al. ("Molecular Cloning", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989), beschrieben und lassen sich nach dem
25 Fachmann bekannten Formeln, beispielsweise abhängig von der Länge der Nukleinsäuren, der Art der Hybride oder dem G + C-Gehalt berechnen. Weitere Informationen zur Hybridisierung kann der Fachmann folgenden Lehrbüchern entnehmen: Ausübel et al. (eds), 1985, Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York; Hames and
30 Higgins (eds), 1985, Nucleic Acids Hybridization: A Practical Approach, IRL Press at Oxford University Press, Oxford; Brown (ed), 1991, Essential

Molecular Biology: A Practical Approach, IRL Press at Oxford University Press, Oxford.

Unter Kultivierung ist im Sinne dieser Erfindung die *in-vitro* Zucht von
5 kultivierbaren Zellen zu verstehen, wodurch diese in festem oder
flüssigem Medium ernährt durch eine flüssige oder verfestigte Nährlösung,
dem Kulturmedium, wachsen und sich vermehren.

Dabei versteht man unter Kulturüberstand das flüssige Kulturmedium, das
10 neben den Nährstoffen für die kultivierbaren Zellen auch die von diesen
nach außen ins Medium abgegebenen Metaboliten und Substanzen (z.B.
Avilamycin-derivate) enthält. Dieser Kulturüberstand kann gewonnen und
aufgearbeitet werden, wobei darunter insbesondere das Absaugen des
Überstandes und/oder eine Filtration zu verstehen ist, mit der die aus der
15 Kultivierung und den Zellen übriggebliebenen Feststoffe abgetrennt
werden.

Der Kulturüberstand, der im Rahmen dieser Erfindung meist
erfindungsgemäße Avilamycin-Derivate enthält, kann nach der
20 Aufarbeitung aufgereinigt werden, wobei darunter beispielsweise eine
chromatographische Trennung und/oder Trennung über Flüssigphasen
bzw. eine Kombination dieser Vorgehensweisen zu verstehen ist. Beispiele
dafür sind eine Festphasen-Extraktion mit einem Methanol-in-Wasser-
Gradienten oder eine Ethyl-Acetat-Extraktion. Dabei wird die die
25 Avilamycinderivate enthaltende Fraktion möglichst weitgehend von
anderen, andere Bestandteile des Kulturüberstands enthaltenden
Fraktionen getrennt und damit die Avilamycin-Derivate weitgehend isoliert.
Als alternative Trenn- und/oder Reinigungsverfahren kommen jedoch auch
die Methode des Aussalzens oder Um- oder Auskristallisierens in
30 Betracht. Gegebenenfalls kann sich dann eine Isolierung und Trennung
der einzelnen Derivate anschliessen, wobei hier insbesondere

Chromatographiemethoden eingesetzt werden. Ganz besonders bevorzugt sind dabei präparative HPLC-Methoden oder auch Affinitätschromatographische Verfahren.

- 5 Es ist bevorzugt, wenn beim Herstellungsverfahren, über das das erfindungsgemäße Avilamycin-Derivat definiert wird, die kultivierbare Zelle ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes* oder einer Zelle, die mit Ausnahme der gentechnologisch veränderten, deletierten oder nicht exprimierten Nukleinsäure/n die Nukleinsäuren
- 10 gemäß laufender Nr. 1-54 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1 bzw. dazu zu mindestens 95%, vorzugsweise 97 %, homologe Nukleinsäuren enthält oder aber mit einer dieser Sequenzen unter mäßig stringenter Bedingungen hybridisiert oder das Gencluster gemäß Abb. 109 enthält. Unter dem zweiten Punkt der Auswahl sind insbesondere Zellen zu
- 15 verstehen, in denen durch gentechnologische Methoden die für die Avilamycin-Derivat-Synthese notwendigen Enzyme exprimiert werden, wobei eine der für ein in den *Streptomyces viridochromogenes* Tü 57 endogen vorkommendes Enzym kodierenden Nukleinsäuren gentechnologisch verändert oder deletiert ist bzw. nicht exprimiert wird,
- 20 insbesondere die Nukleinsäure/DNA gar nicht erst gentechnologisch in die Wirtszelle eingebracht wird. Besonders bevorzugt ist es aber, wenn die Zelle ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes*, insbesondere einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes* Tü 57 bzw. A 23575.

25

In jedem Falle ist es bevorzugt, wenn bei dem Verfahren die veränderte/n (z.B. deletierte/n bzw. nicht in die Wirtszelle eingebrachte/n) Nukleinsäure/n für eine Methyltransferase und/oder für eine Halogenase kodierte/n.

30

Alternativ kann die Herstellung auch außerhalb eines in vivo Verfahrens als in vitro Synthese erfolgen. Hierbei werden die für die Synthese erforderlichen Enzyme und/oder Enzymsysteme in mindestens einem Versuchsansatz vorgegeben, wobei vorzugsweise in mehreren hintereinander geschalteten Versuchsansätzen die für die Synthese erforderlichen Reaktionsschritte katalytisch von den erforderlichen und erfindungsgemäßen Enzymen durchgeführt werden. Ggf. können zwischen die in entsprechend geeigneter Reihenfolge durchgeführten Einzelreaktionen Trenn- und/oder Reinigungsschritte zur Aufreinigung der der jeweils erwünschten Zwischenprodukte eingefügt werden.

Dabei versteht man unter Methyltransferasen Enzyme, die eine Methylgruppe auf ein organisches Molekül übertragen können. Insbesondere sind dies im Sinne der Erfindung Enzyme, die entweder auf die Orsellin-Säure oder auf die Zucker, vorzugsweise nach Bildung des Heptasaccharids, eine Methylgruppe übertragen, insbesondere die ORF's aviG2, aviG3, aviG5, aviG6, aviG1, aviG4, aviRa und aviRb, insbesondere aviG4.

Unter Halogenasen versteht man Enzyme, die enzymatisch Halogene auf organische Moleküle übertragen können. Insbesondere sind dies im Sinne der Erfindung Enzyme, die auf die Orsellin-Säure ein, vorzugsweise zwei Cl-Reste an den Positionen R3 und/oder R4 übertragen, insbesondere der ORF aviH.

Entsprechend ist es ein besonders bevorzugter Gegenstand der Erfindung, wenn in Bezug auf das oben genannte Herstellungsverfahren die Sequenz der veränderte/n Nukleinsäure/n vor der Veränderung zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz einer der Sequenzen gemäß laufender Nr. 1, 2-7 oder 48-49 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1, vorzugsweise einer Sequenz gemäß laufender Nr. 1, 2-7 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1, insbesondere

einer der Sequenzen gemäß laufender Nr. 1 und/oder 2 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1, entsprach oder aber mit einer dieser Sequenzen unter mäßig stringenten Bedingungen hybridisierte.

- 5 Dabei bedeutet „vor der Veränderung“ im Sinne dieser Erfindung, daß die veränderte Nukleinsäure vor der gentechnologischen Manipulation an ihr, d.h. vor der Deletion oder der Veränderung, insbesondere Verkürzung oder Mutation in der Basensequenz, aber auch vor dem Schritt, diese Nukleinsäure/DNA gar nicht erst gentechnologisch in die Wirtszelle
10 einzubringen, die genannte Nukleinsäuresequenz aufweist.

- Weiter ist es bevorzugt, wenn in dem die Avilamycin-Derivate definierenden Herstellungsverfahren die Veränderung der Nukleinsäure/n dazu führt, daß das oder die durch die gentechnologisch veränderte/n
15 Nukleinsäure/n kodierte/n Protein/e oder Polypeptid/e nach der gentechnologischen Veränderung nicht mehr synthetisiert wird/werden.

- Dabei versteht man unter Polypeptid ein Peptid mit zwischen $10 \leq$ und < 100 Aminosäureresten und unter einem Protein ein Makromolekül mit
20 mehr als 100 über Peptidbindungen verknüpften Aminosäureresten. Dabei sind die Proteine im Zusammenhang mit dieser Erfindung vorzugsweise Enzyme. Es fallen aber natürlich auch andere Proteine im Sinne dieser Erfindung unter diesen Begriff.

- 25 Die bisher beschriebenen erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate haben überwiegend bzw. alle gegenüber im Stand der Technik beschriebenen verwandten Orthosomycine, insbesondere gegenüber Avilamycin, den Vorteil, hydrophiler zu sein, was therapeutisch erhebliche Vorteile bietet. Das gilt insbesondere für einen Vergleich mit dem Avilamycin A oder C
30 bzw. auch mit dem Everninomycin Ziracin.

Eine Aufgabe der Erfindung war es auch - neben der Bereitstellung neuer Antibiotika – die Biosynthese des Avilamycins aufzuklären, um darauf basierend neue antimikrobielle Substanzen bzw. neue Verfahren zur deren Herstellung zu entwickeln. Ein Kernpunkt war dabei die molekulare Klonierung und die Charakterisierung der an der Avilamycin-Biosynthese beteiligten Gene. Es wurde ein ca. 60 kB großes Stück um die bekannten Gene *aviD*, *aviE1* und *aviM* sequenziert. Dabei stellte sich heraus, daß die beteiligten Gene in unmittelbarer Nähe voneinander in einem Cluster angeordnet waren. Die Sequenz der einzelnen ORF's sowie deren Anordnung auf dem zentralen Gencluster (laufenden Nr. 1bis 54) sind in Abb. 1 in Verbindung mit Tabelle 1, respektive Abb. 109, dargestellt. Wie bereits ausgeführt waren die Sequenz eines NDP-Glucose-Synthase-Gens (*aviD* [laufende Nr. 53 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1]), eines NDP-Glucose-4,6-Dehydratase-Gens (*aviE* [laufende Nr. 54 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1]) und eines Polyketid-Synthase-Gens (*aviM* [laufende Nr. 52 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1]) ebenso bekannt wie deren vermutliche Funktion als Teil einer iterativen Typ I Polyketid-Synthase zur Bildung von Orsellin-Säure, einem Zwischenprodukt in der Biosynthese von Dichloroisoeberninsäure [Gaisser, S., Trefzer, A., Stockert, S., Kirschning, A., & Bechthold, A. (1997), J Bacteriol. 179, 6271-6278].

Die durch die umfangreiche Klonierung entdeckten Sequenzen der an der Synthese des Avilamycins beteiligten übrigen ORF's sind ebenfalls der Abb. 1 zu entnehmen wie auch die relative Anordnung auf dem Gencluster der Abb. 109. Hierbei erlaubt die Angabe der laufenden Nr. aus Tabelle 1 die Zuordnung zur namentlichen Bezeichnung der ORFs. Unter der namentlichen Bezeichnung sind die Sequenzen Abb. 1 zu entnehmen und zwar auf die in der Beschreibung von Abb. 1 dargestellte Weise. Die genaue Klonierungsstrategie sowie weitere Einzelheiten der Sequenzierung sind in den Beispielen dargestellt ebenso wie die funktionelle Analyse und Charakterisierung der gefundenen Gene

(ORF's). Die Zuordnung der ORF-Kürzel zu Funktion und Sequenz (incl. abgeleiteter Proteinsequenz) kann der der Abbildungsbeschreibung folgenden Tabelle 1 entnommen werden.

- 5 Ein weiterer wichtiger Gegenstand der Erfindung ist daher eine (oder mehrere) Nukleinsäure(n), die in ihrer Sequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen der laufenden Nummer 1 bis 51 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1 entspricht/entsprechen oder aber mit einer dieser
- 10 Sequenzen unter mäßig stringenten Bedingungen hybridisiert. Insbesondere werden auch Sequenzen mit den laufenden Nr. 48 und 49 (gemäß Tabelle 1 und Sequenzdarstellung in Abb. 1) mit Funktion als rRNA-Methyltransferasen (aviRa und aviRb) und auch die Sequenzen mit den laufenden Nr. 50 und 51 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) mit Funktion
- 15 als ABC-Transporter-Gene (aviABC1 and aviABC2), die Resistenzen gegen Avilamycin vermitteln, bzw. Sequenzen, die zu mindestens 95% diesen Sequenzen mit den vorgenannten laufenden Nr. entsprechen oder aber mit einer dieser Sequenzen unter mäßig stringenten Bedingungen hybridisieren, in der vorliegenden Erfindung beschrieben. Im übrigen auch
- 20 Mischungen von Nukleinsäuren, die beliebige Unterkombinationen der gemäß Abb. 1 dargestellten Nukleinsäuren mit den laufenden Nr. 1 bis 51 aus Tabelle 1 darstellen, bspw. Mischungen aus zwei, drei, vier, ..., 50 Nukleinsäuren in beliebiger Kombination sind erfindungsgemäß mitoffenbart, ggf. auch als Kombination auf einem Nukleinsäurestrang
- 25 oder auf verschiedenen Strängen.

Dabei ist/sind insbesondere (eine) Nukleinsäure/n bevorzugt, die zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit der laufenden Nr. 1

30 bis 32 gemäß Tabelle 1 (i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise 1 bis 7,

insbesondere 1 oder 2, entspricht/entsprechen oder die aber mit einer dieser Sequenzen unter mäßig stringenten Bedingungen hybridisiert/en.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung sind entsprechend auch
5 Gencluster, die „Open reading frames“, vorzugsweise 54, enthalten, die in ihrer Nukleinsäuresequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, den Nukleinsäuresequenzen gemäß den Sequenzen mit den laufenden Nummern 1 bis 54 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1)
10 entsprechen oder aber mit einer dieser Sequenzen unter mäßig stringenten Bedingungen hybridisiert und die auf einem Nukleinsäurestrang oder in beliebiger Kombination auf dem einem oder dem anderen Strang angeordnet sind, vorzugsweise gemäß Abb. 109. Die Gene in einem erfindungsgemäßen Gencluster können 2, drei, vier, ...
15 , 50 erfindungsgemäße Gene in beliebiger Strangverteilung und Unterkombination enthalten, insbesondere können die zwischen den ORFs liegenden Abschnitte beliebiger Nukleotidsequenz sein.

Damit ist insbesondere ein Gencluster gemäß Abb. 109 gemeint, aber auch Gencluster, die entsprechende Nukleinsäuren, evt. auch in anderer
20 Anordnung enthalten, wobei bevorzugt – aber nicht notwendig – ist, daß alle ORF's gemäß den laufenden Nummern 1-54 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) im Gencluster zu finden sind.

Unter dem Begriff Gencluster versteht man im Sinne dieser Erfindung ein
25 Abschnitt einer DNA, auf dem sich in enger räumlicher Nachbarschaft mehrere Gene befinden. Derartige erfindungsgemäße Gencluster können in einem Vektor vorliegen, bspw. einem BAC oder YAC, einem Cosmid oder Plasmid. Vektoren, die mindestens eine erfindungsgemäße Sequenz enthalten, sind damit gleichfalls Gegenstand der vorliegenden
30 Erfindung. Erfindungsgemäße Gene können in erfindungsgemäßen

Vektoren mit weiteren Signalsequenzen oder weiteren Genen, insbesondere weiteren Antibiotika-Resistenz-Genen, kombiniert werden.

Aus den neu entdeckten Sequenzen der ORF's bzw. Gene ließen sich
5 Protein- und Polypeptidsequenzen ableiten. Entsprechend ist ein weiterer
Gegenstand der Erfindung ein Protein oder Polypeptid, das in seiner
Aminosäuresequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%,
insbesondere genau, der Aminosäuresequenz gemäß einer der
Sequenzen mit den laufenden Nr. 55 – 101 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1)
10 entspricht.

Dabei ist es bevorzugt, wenn das erfindungsgemäße Protein oder
Polypeptid zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau,
der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit den laufenden
15 Nr. 55 bis 86 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise 55 bis 61,
insbesondere 55 oder 56, entspricht.

Ein weiterer Gegenstand ist entsprechend auch ein Protein oder
Polypeptid, das durch eine Nukleinsäure gemäß einem der Ansprüche 12
20 oder 13 kodiert wird. Dabei versteht man unter „kodieren“ im Sinne dieser
Erfindung, daß die Codons (s.o.) des entsprechenden
Nukleinsäureabschnitts (Gen oder ORF) für die entsprechende
Aminosäuresequenz kodieren, also nach Transkription und Translation ein
entsprechendes Protein oder Polypeptid mit dieser Aminosäuresequenz
25 entsteht.

Insbesondere sind die erfindungsgemäßen Proteine Enzyme, bzw. Teil
eines Multienzymkomplexes. Sie können aber natürlich auch andere
Funktionen haben.

Da zum einen die erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate über ein gentechnologisches bzw. biotechnologisches Verfahren definiert sind oder dadurch hergestellt werden, auf der anderen Seite die neu entdeckten Gene bzw. Proteine (Enzyme) in gen- bzw. biotechnologischen Verfahren zur Herstellung entsprechender Antibiotika eingesetzt werden können, haben im Rahmen dieser Erfindung nahezu zwangsläufig gentechnologisch veränderte Zellen eine wichtige Funktion.

Ein weiterer Gegenstand dieser Erfindung sind daher gentechnologisch veränderte Zelle enthaltend mindestens eine nicht-endogene erfindungsgemäße Nukleinsäure, einen nicht-endogenen erfindungsgemäßen Gencluster und/oder ein nicht-endogenes erfindungsgemäßes Protein oder Polypeptid.

Ebenso ist eine Zelle ein weiterer Gegenstand der Erfindung, die mindestens eine gentechnologisch veränderte Nukleinsäure, deren Sequenz vor der Veränderung zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit der laufenden Nr. 1 bis 54 (Tabelle 1 i.V.m. Abb.1) entsprach oder aber die mit einer dieser Sequenzen unter mäßig stringenten Bedingungen hybridisierte, enthält.

Ein besonders bevorzugter Gegenstand der Erfindung ist eine Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes*, vorzugsweise vom Subtyp Tü57, bei dem mindestens eine der Nukleinsäuren mit einer Sequenz mit einer der laufenden Nr. 1-54 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) gentechnologisch verändert oder deletiert wurde. Dabei ist es besonders bevorzugt, wenn in der entsprechenden Zelle mindestens eine der Nukleinsäuren mit einer Sequenz mit einer laufenden Nr. 1, 2-7 oder 48-49 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise 1 oder 2-7, insbesondere 1 und/oder 2 gentechnologisch verändert oder deletiert wurde.

Gemäß obigen Ausführungen ist entsprechend ein weiterer Gegenstand der Erfindung die Verwendung einer erfindungsgemäßen Nukleinsäure, eines erfindungsgemäßen Genclusters, eines erfindungsgemäßen Proteins oder Polypeptids und/oder einer der erfindungsgemäßen Zellen zur Herstellung eines Avilamycin-Derivats, vorzugsweise eines erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivats.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist ein Verfahren zur Herstellung erfindungsgemäßer Avilamycin-Derivate mit folgenden Schritten:

(1) in einer kultivierbaren Zelle, die die nötigen Gene bzw. Enzyme zur Synthese des Orthosomycin-Grundkörpers bestehend aus

(a) einem endständigen Dichloroisoeberninsäure-Rest (A in Formel I) und
(b) einem damit veresterten, über normale Esterbindung und Orthoesterbindungen verknüpften Heptasaccharid (B bis H in Formel I) aus:

20

- (i) zwei D-Olucose-Resten (B und C)
- (ii) einem 2-Desoxy-D-Galactose-Rest (D),
- (iii) einem D-Fucose (E),
- (iv) einem D-Mannose-Rest (F),
- (v) einem L-Lyxose-Rest (G) und
- (vi) einem (Methyl-)Eurekanat Rest (H)

25

30

aufweist, wird mindestens eine Nukleinsäure, deren Sequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz mit einer der laufenden Nr. 1 bis 54 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1 entspricht oder aber eine

Nukleinsäure, die mit einer dieser Sequenzen unter mäßig stringenten Bedingungen hybridisiert, gentechnologisch verändert, deletiert oder nicht exprimiert,

- 5 (2) die so gentechnologisch veränderte Zelle wird kultiviert,
 (3) der Kulturüberstand wird gewonnen,
 (4) der Kulturüberstand wird aufgearbeitet und dabei das oder die
 entstandene/n Avilamycin-Derivat/e aufgereinigt und isoliert,
 (5) gegebenenfalls werden unterschiedliche Derivate getrennt.

10

Es ist bevorzugt, wenn bei diesem Verfahren die kultivierbare Zelle ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes* oder einer Zelle, die mit Ausnahme der gentechnologisch veränderten, deletierten oder nicht exprimierten Nukleinsäure die Nukleinsäuren gemäß
15 laufenden Nr. 1-54 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1 bzw. dazu zu mindestens 95%, vorzugsweise 97 %, homologe Nukleinsäuren oder aber mit diesen Sequenzen hybridisierende Sequenzen enthält oder den erfindungsgemäßen Gencluster enthält. Letzteres wird in der Fachliteratur als heterologe Expression bezeichnet. Dabei ist es besonders bevorzugt,
20 wenn die Zelle ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes*, *Streptomyces Lividans*, *Streptomyces albus* oder *Streptomyces fradiae*, insbesondere einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes* Tü 57 oder A 23575.

- 25 Auch eine alternative Verfahrensführung kommt erfindungsgemäß in Betracht. Hierbei wird nach Durchführung der Verfahrensschritte (1) und (2) jedoch das Avialmycin-Derivat nicht aus dem Kulturüberstand gewonnen, sondern dieses akkumuliert sich vielmehr in den Wirtszellen. Gemäß dem alternativen Verfahren werden daher in Verfahrensschritt (3)
30 die Wirtszellen geerntet, nachfolgend aufgeschlossen und die Avilamycin-Derivate von den übrigen Zellbestandteilen getrennt und schließlich

aufgereinigt. Zur Trennung und Aufreinigung können die vorgenannten und alle dem Fachmann geläufigen Verfahren zum Einsatz kommen.

Weiter bevorzugt ist es, wenn bei dem erfindungsgemäßen Verfahren die
5 veränderte/n Nukleinsäure/n für eine Methyltransferase und/oder für eine
Halogenase kodiert/en. Dabei ist es besonders bevorzugt, wenn die
Sequenz der veränderte/n Nukleinsäure/n vor der Veränderung zu
mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der
Nukleinsäuresequenz einer der Sequenzen mit den laufenden Nr. 1, 2-7
10 oder 48-49 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1, vorzugsweise einer
Sequenzen mit den laufenden Nr. 1 oder 2-7 gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb.
1, insbesondere einer der Sequenzen mit den laufenden Nr. 1 und/oder 2
gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1, entsprach.

15 Weiter bevorzugt ist es, wenn bei dem erfindungsgemäßen Verfahren die
Veränderung der Nukleinsäure/n, insbesondere von erfindungsgemäßen
Methyltransferasen und/oder Halogenasen, dazu führt, daß das oder die
durch die gentechnologisch veränderte/n Nukleinsäure/n kodierte/n
Protein/e oder Polypeptid/e nach der gentechnologischen Veränderung
20 nicht mehr synthetisiert wird/werden.

Die erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate sind prinzipiell toxikologisch
unbedenklich, so daß sie sich als pharmazeutischer Wirkstoff in
Arzneimitteln eignen. Ein weiterer Gegenstand der Erfindung sind daher
25 Arzneimittel enthaltend mindestens ein erfindungsgemäßes Avilamycin-
Derivat, vorzugsweise mindestens zwei, insbesondere auch Mischungen
von einem oder mehreren Avilamycin-Derivaten mit mindestens einem
weiteren Antibiotikum aus dem Stand der Technik, bspw. Vancomycin,
Penicillin, Streptomycin, Neomycin, Kanamycin, Sisomycin, Amikacin
30 und/oder Tobramycin, sowie gegebenenfalls geeignete Zusatz- und/oder
Hilfsstoffe. Auch andere bakteriostatische oder bakterizide Substanzen

können mit erfindungsgemäßen Substanzen kombiniert werden, bspw. Cephalosporine, Chloramphenicol, Ethambutol, Cephalosporine, Isonicotinamide, Tetracycline, Sulfonamide, Oxalactame (bspw. Flomoxef, Clavulansäure) und/oder Nitrofurane.

5

Darunter versteht man insbesondere auch Trägermaterialien, Füllstoffe, Lösungsmittel, Verdünnungsmittel, Farbstoffe und/oder Bindemittel. Die Arzneimittel können als flüssige Arzneiformen in Form von Injektionslösungen, Tropfen oder Säften, als halbfeste Arzneiformen in
10 Form von Granulaten, Tabletten, Pellets, Patches, Kapseln, Pflaster oder Aerosolen verabreicht werden. Die Auswahl der Hilfsstoffe etc. sowie die einzusetzenden Mengen derselben hängen davon ab, ob das Arzneimittel oral, peroral, parenteral, intravenös, intraperitoneal, intradermal, intramuskulär, intranasal, buccal, rektal oder örtlich, zum Beispiel auf die
15 Haut, die Schleimhäute oder in die Augen, appliziert werden soll. Für die orale Applikation eignen sich Zubereitungen in Form von Tabletten, Dragees, Kapseln, Granulaten, Tropfen, Säften und Sirupen, für die parenterale, topische und inhalative Applikation Lösungen, Suspensionen, leicht rekonstituierbare Trockenzubereitungen sowie Sprays.

20

Oral oder perkutan anwendbare Zubereitungsformen können die erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate verzögert freisetzen und so einen gleichmäßigeren Plasmaspiegel erreichen. Prinzipiell können den erfindungsgemäßen Arzneimitteln andere dem Fachmann bekannte
25 weitere Wirkstoffe zugesetzt werden.

Die an den Patienten zu verabreichende Wirkstoffmenge variiert in Abhängigkeit vom Gewicht des Patienten, von der Applikationsart, der Indikation und dem Schweregrad der Erkrankung. Üblicherweise werden

0,005 bis 1000 mg/kg, bevorzugt 0,05 bis 5 mg/kg wenigstens eines erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivats appliziert.

Da für die erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate eine antibiotische
5 Wirkung nachgewiesen ist, eignen sie sich natürlich prinzipiell zur
Behandlung von Erkrankungen, insbesondere zur Behandlung von
Infektionskrankheiten, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur
Behandlung derartiger Erkrankungen. Ein weiterer Gegenstand der
Erfindung ist entsprechend die Verwendung eines erfindungsgemäßen
10 Avilamycin-Drivats zur Herstellung eines Arzneimittel mit antibiotischer
Wirkung zur Behandlung von bspw. Infektionskrankheiten. Unter
Infektionserkrankungen werden Erkrankungen Verstanden, denen eine
Infektion mit einem viralen, einem bakteriellen oder einem
protozoologischen Erreger zugrundeliegt. Damit sind die vorliegenden
15 erfindungsgemäßen Antibiotika auch zur Behandlung von Mykosen,
insbesondere kutanen und subkutanen Mykosen, geeignet.

Bevorzugt werden die erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate jedoch zur
Bekämpfung bakterieller Infektionen eingesetzt. Insbesondere sind
20 Infektionen mit den folgenden Erregern zu nennen: Leprabakterien,
Mykobakterien, Neisserien, Tuberkulosebakterien, Aktinomyceten,
Corynebakterien, Listerien, Clostridien, Bazillen, Enterokokken,
Streptokokken, Staphylokokken, insbesondere auch zur Behandlung von
Infektionen mit *Staphylococcus aureus* Stämmen, Rickettsien,
25 Chlamydien, Mykoplasmen, Borrelien, Spirochäten, Brucellen,
Bordetellen, Pseudomonaden, Helicobacter, Hämophilus, Vibrionen,
Shigellen, Yersinia, Salmonellen und weitere unter die Familie der
Enterobacteriaceae fallende Vertreter. Entsprechend werden die
erfindungsgemäßen Substanzen zur Behandlung aller klinischen
30 Krankheitsbilder, die durch bspw. die vorgenannten Bakterienstämme
verursacht werden, verwendet. Beispielhaft seien die folgenden

Krankheitsbilder genannt: Tuberkulose; Pneumonien; Typhus; Paratyphus; Lues; Gastritis; Gastroenteritis; Ruhr; Pest; Enteritis; extraintestinale Infekte, Peritonitis und Appendizitis mit E. coli sowie intestinale Infekte mit EHEC, EPEC, ETEC oder EIEC; Cholera, Legionärskrankheit, 5 Keuchhusten, Brucellosen, Lyme-Borreliose, Leptospirose, Fleckfieber, Trachom, Gonorrhoeen, Meningitis, Septikämie, Lepra etc.

Ein weiterer Gegenstand des Verfahrens ist auch die Behandlung eines Menschen oder Tieres, der oder das diese Behandlung benötigt, mit 10 einem erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivat, vorzugsweise bei Infektionskrankheiten, insbesondere unter Beteiligung von Staphylococcus aureus.

15 Im folgenden Abschnitt wird die Erfindung weiter durch Beispiele erläutert, ohne sie darauf zu beschränken.

Beispiele und Abbildungen:

20 **Abbildungen:**

Abbildung 1 zeigt die Sequenz des gesamten Genclusters mit seinen 54 Nukleinsäuresequenzen der ORF's aus Streptomyces viridochromogenes Tü 57. In Abbildung 1 sind die Kurzbezeichnungen der entsprechenden Nukleinsäuresequenzen enthalten, wobei diese Kurzbezeichnungen (ohne 25 das Präfix „Avi“) jeweils an den Zeilen eingefügt sind, die die Startcodons der 54 Sequenzen aufweisen. Die AS, die durch das jeweilige Startcodon codiert wird, ist eingekreist. Der an diesen Stellen jeweils eingezeichnete Pfeil gibt die Leserichtung (rückwärts oder vorwärts) der Gene mit dem Startcodon als Ausgangspunkt wieder.

Abb. 1 enthält die Nukleotidsequenzen der beiden komplementären DNA-Stränge ebenso wie die (tw. fiktiven) AS-Sequenzen für beide Stränge in allen drei Leserastern, insgesamt also 2 Nukleotidsequenzen und die sich hieraus potentiell ergebenden 6 Proteinsequenzen (Ein-Buchstaben-Code). Die drei Proteinsequenzen des oberen Nukleotidstrangs sind oberhalb der dazugehörigen Nukleotidsequenz, die drei Proteinsequenzen des unteren komplementären Nukleotidsequenz unterhalb des dazugehörigen unteren Nukleotidstrangs eingezeichnet. Die 54 namentlich in Abb. 1 eingezeichneten Proteinsequenzen im Gencluster ergeben sich aus Abb. 1 dadurch, daß eine eingekreiste AS als Ausgangspunkt gewählt wird und dann in diesem Leseraster, d.h. in der entsprechenden Zeile (bspw. 2. Zeile unterhalb der unteren Nukleotidsequenz), die AS-Sequenz in der durch die Pfeile angegebenen Richtung, also im folgenden entweder vorwärts oder rückwärts, abgelesen wird. Die Sequenz endet mit dem Stop-Codon im entsprechenden Leseraster, wobei Stop-Codons durch ein „Stern“-Symbol in der entsprechenden Zeile markiert sind.

Die zur AS eines ORFs gehörige Nukleotidsequenz ergibt sich durch das entsprechende oberhalb oder unterhalb (für den oberen Strang) befindliche Triplet. Die Ein-Buchstaben-Bezeichnung der Aminosäure ist dabei jeweils so angeordnet, daß sie oberhalb oder unterhalb des mittleren Nukleotids des für diese AS codierenden Codons liegt.

In der nachfolgenden Tabelle sind die namentlichen Bezeichnungen der 54 codierenden Bereichen im Gencluster jeweils laufenden Nummern zugeordnet, wobei die laufenden Nummern 1 bis 54 die Nukleotidsequenzen angeben und die laufenden Nummern 55 bis 108 den jeweils dazu gehörigen AS-Sequenzen entsprechen, und zwar codiert die Nukleotidsequenz mit der laufenden Nummer 1 für die AS mit der laufenden Nummer 55, die Nukleotidsequenz mit der laufenden Nummer 2 für die AS mit der laufenden Nummer 56 etc..

Abbildung 109 zeigt die relative Anordnung der gefundenen ORF's auf dem Gencluster.

- 5 Abbildung 110 zeigt einen Southern-Blot mit der Mutante *S. viridochromogenes* GW4.

Abbildung 111 zeigt das Massenspektrum der Produkte von Mutante *S. viridochromogenes* GW4

10

Abbildung 112 zeigt Massenspektrum der hydrolysierten Produkte von Mutante *S. viridochromogenes* GW4.

- 15 Die Zuordnung der ORF-Kürzel zu ihrer Funktion und Sequenz (incl. abgeleiteter Proteinsequenz) kann der folgenden Tabelle 1 entnommen werden.

Tabelle1:

Gen (ORF)/ Protein bzw. Polypeptid	Funktion	Laufende Nr.: Gen (ORF) / Protein bzw. Polyp ptid in Abb. 1
AviX1	Regulation	8/62
AviX2		33/87
AviX3		34/88
AviX4		35/89
AviX5		36/90
AviRb	Resistenz/ Methylierung der rRNA	48/102
AviX6		37/91
AviX7		38/92
AviX8		39/93

AviRa	Resistenz/Methylierung der rRNA	49/103
AviQ1	Zucker-Biosynthese	9/63
AviGT2	Biosynthese der Heptasaccharid-Kette	10/64
AviX9		40/94
AviC1	Regulation	11/65
AviC2	Regulation	12/66
AviX10		41/95
AviX11		42/96
AviG1	Zucker-Biosynthese (2-Deoxy-D-Evalose)/ Modifikation (Methylierung)	3/57
AviJ	Antibiotika Transport	13/67
AviN	Biosynthese der Orsellin-Säure	14/68
AviM	Biosynthese der Orsellin-Säure	52/106
AviD	Zucker-Biosynthese (D-Olivose, 2-Deoxy- D-Evalose)	53/107
AviE1	Zucker-Biosynthese (D-Olivose, 2-Deoxy- D-Evalose)	54/108
AviQ2	Zucker-Biosynthese	15/69
AviG5	Modifikation (Methylierung)	6/60
AviO1		43/98
AviGT1	Biosynthese der Heptasaccharid-Kette	16/70
AviE2	Zucker-Biosynthese	17/71
AviG2	Modifikation (Methylierung)	4/58
AviZ1	Zucker-Biosynthese	18/72
AviG6	Modifikation (Methylierung)	7/61
AviO3		44/98
AviG3	Modifikation (Methylierung)	5/59
AviX12		45/99
AviABC1	Antibiotika Transport	50/104
AviABC2	Antibiotika Transport	51/105
AviB1	Modifikation	19/73
AviB2	Modifikation	20/74
AviGT3	Biosynthese der Heptasaccharid-Kette	21/75
AviGT4	Biosynthese der Heptasaccharid-Kette	22/76
AviO2		46/100
AviP1	Zucker-Biosynthese (L-Lyxose)	23/77
AviQ3	Zucker-Biosynthese	24/78
AviH	Modifikation (Halogenierung)	1/55
AviX13		47/101
AviG4	Modifikation (Methylierung)	2/56
AviE3	Zucker-Biosynthese (4-O-methyl-L-fucose)	25/79
AviS	Zucker-Biosynthese (D-Olivose, 2-Deoxy- D-Evalose)	26/80
AviT	Zucker-Biosynthese (D-Olivose, 2-Deoxy- D-Evalose)	27/81

AviZ3	Zucker-Biosynthese (D-Olivose, 2-Deoxy-D-Evalose)	28/82
AviZ2	Zucker-Biosynthese	29/83
AviX14	Regulation	30/84
AviX15	Regulation	31/85
AviX16	Regulation	32/86

Beispiele

5 Beispiel 1:

Allgemeine Methoden und Materialien:

a)

Bakterienstämme, Plasmide und Kulturbedingungen.

10

Streptomyces viridochromogenes Tü57 wurde mit 1 % Malzextrakt, 0.4 % Hefeextrakt, 0.4 % Glucose and 1 mM CaCl₂, bei einem pH von 7.2 (HA medium) bei 37°C kultiviert. Zur Herstellung von Avilamycin wurden *Streptomyces viridochromogenes* Tü57 und alle Mutanten in NL19+-
15 Medium, das 2% D-Mannitol, 2% Sojamehl und 20 mM L-Valin enthielt und auf pH 7.5 eingestellt war, kultiviert. Für die DNA-Manipulation wurde *Escherichia coli* XL-1 Blue MRF' (Stratagene) als Wirtszelle benutzt. Vor der Transformation von *S. viridochromogenes* Tü57 wurden die Plasmide in *E. coli* ET 12567 (*dam*⁻, *dcm*⁻, *hsdS*, Cm^R) gezogen, um unmethylierte
20 DNA zu erhalten. *E. coli* Stämme wurden auf Luria-Bertani (LB) agar oder flüssigem Medium, das das geeignete Antibiotikum enthielt, kultiviert.

b)

25 Allgemeine gentechnologische Manipulationen, PCR and DNA Sequenzierung / Sequenz-Analysis

Es wurden Standard-Methoden der Molekularbiologie - wie dem Fachmann bekannt - durchgeführt. Die Isolierung von *E.coli* plasmid DNA, DNA Restriktion, DNA Modifizierung wie das „filling-in sticky ends“ und die
5 „Southern“-Hybridisierung wurden gemäß den Protokollen der Hersteller der Kits, Enzyme und Reagentien durchgeführt (Amersham-Pharmacia, Boehringer Mannheim, Promega, Stratagene). *Streptomyces* Protoplastenbildung, -transformation, and -protoplast Regenerierung wurden wie üblich durchgeführt. Die PCR wurde mit einem Perkin Elmer
10 GeneAmp 2400 thermal cycler durchgeführt, wobei die Bedingungen so wie beschrieben und üblich waren. Die verwendeten Oligonukleotid-Primer waren:

AviG4F (5'-GGACGCCTATCTGTGCCACCCCTTCCTGGT-3'),
15 AviG4R (5'-TGAGCGCTCGCCTAGACAGAATCATCTCCC3'),
S2A (5'-GCGTCCATCTTGCCGGGA-3') und
S2B (5'-CGTGGATCCCGCCGGCCC-3').

Die Nukleotidsequenzierung wurde mit der Dideoxy-
20 Kettenabbruchsmethode unter Verwendung eines automatischen Laser-Fluoreszenz-Sequencers (Perkin Elmer ABI) durchgeführt. Die Sequenzierungs-Reaktionen wurden mit einem Thermosequenase-Cycle-Sequencing Kit with 7-deaza-dGTP (Amersham) and Standard-Primerns (M 13 universal and reverse, T3, T7) durchgeführt. Mit dem DNASIS-
25 Software-Packet (version 2.1, 1995; Hitachi Software Engineering) wurde eine computerunterstützte Sequenz-Analyse und die Datenbank-Recherche mit dem BLAST 2.0 program auf dem Server des National Center for Biotechnology Information, Bethesda MD, USA, durchgeführt. Die vorgelegten Sequenzen sind in der Genbank-Datenbank unter der
30 Zugangsnummer („Accession Number“) AF333038 abgelegt.

c)

Konstruktion eines Gen-inaktivierenden Plasmids

5 *aviG4*: Eine einmal vorkommende *NcoI*-Restriktionsschnittstelle im Gen *aviG4* (laufende Nr. 2, Abb. 1), die auf dem 1.9 kb Fragment liegt, das in die *SacI* and *EcoRI* Schnittstellen von pBSK- ligiert ist, wurde für die gezielte Inaktivierung durch ein Verschieben des Leserahmens ausgewählt. Das 1.9 kb Fragment wurde mit *SacI* and *KpnI* verdaut und wurde in das Gen-
10 Inaktivierungsplasmid pSP 1 hinein ligiert. Nach dem Restriktionsverdau mit *NcoI*, Behandlung mit dem Klenow -Fragment der *E. coli* DNA-polymerase 1 and erneuter Ligation wurde die beabsichtigte Veränderung durch DNA-Sequenzierung bestätigt. Das gebildete Plasmid wurde als pMIKG4E3 bezeichnet.

15

aviH: Die einmal vorkommende *NarI* Schnittstelle im *aviH*-Gen, das auf dem 3.7 kb *SacI*-Fragment ligiert in pBSK- vorliegt, wurde durch *NarI*-Restriktionsverdau und anschließender Behandlung wie für *aviG4* beschrieben, verändert. Die Sequenzierung verschiedener Plasmide
20 zeigte die korrekte Veränderung. Das 3.7 kb-Fragment wurde in pSP1 kloniert, um das Gen-Inaktivierungs-Plasmid pSP 1S2Nar zu bilden.

d)

Analyse neuer Avilamycin A-Derivate

25 TLC Analysis

Streptomyces viridochromogenes Tü57 und die Mutanten GW-4 und GW4-AM1 wurden drei Tage lang inkubiert. Die Kulturen wurden abfiltriert und das Filtrat auf eine Festphasen Extraktions-Patrone aufgetragen

(SepPakC₁₈, Waters). Die Patrone wurde mit einem Gradienten zwischen 10 % und 100% Methanol in Wasser eluiert. Avilamycin-Derivate eluieren mit der Fraktion, die 60-70 % Methanol enthält. Nach einer Extraktion mit Ethyl-Acetat und Abziehen des Lösungsmittels wurden die Avilamycin-Derivate wieder in Methanol gelöst und mit TLC auf Silicagel-Platten (silica gel 60 F254, Merck) mit Methylenchlorid/Methanol (9:1, v/v) als Lösungsmittel gemessen. Avilamycin-Derivate waren nach Behandlung mit Anisaldehyd/H₂SO₄ detektiert worden.

10 e)

HPLC-UV-Analyse

Eine analytische HPLC-UV wurde auf einem Hewlett Packard 1090 Liquid Chromatograph mit einem Photodioden-Array-Detektor und einer HP-ODS-Hypersil 5Mm, 200 x 2 mm Säule durchgeführt. Die Meßwellenlänge betrug 210 nm. Die Abfolge der Lösungen war wie folgt: Lösung A, 0.04M (NH₄)₂HPO₄ pH 7.0 Puffer; Lösung B, 100% Methanol; ein nichtlinearer Gradient, mit 30-62% der Lösung B über 25min bei einer Flußrate von 0.2ml/min verteilt.

20

f)

HPLC-MS-Analyse

Für die HPLC-MS-Analyse wurden die Avilamycin-Derivate auf einer HPLC-Anlage (HP 1110, Hewlett-Packard, Waldbronn) mit einer HP ODS Hypersil C₁₈ Säule (2.1 by 100 mm; 5 µm) bei einer Flußrate von 0.1 ml/min, Detektion bei 220 nm und dem folgenden Gradienten laufen gelassen: 0-5 min von 0 % bis 20 % B, 5.1-120 min bis 90 % B (Lösung A, H₂O : MeOH 3:2; Lösung B, MeOH). Massenspektren wurden auf einem

Bruker Esquire-LC 1.6n Massenspektrometer (Bruker Daltonik, Bremen) mit einer Elektrospray (ES) Ionenquelle (positive ion mode) aufgezeichnet. Die Meßbreite betrug zwischen 200 - 1800 m/z.

5 g)

GC-MS-Analyse

10 Eine Analyse der neuen Gavibamycin-Derivate (erfindungsgemäßen Avilamycin-Derivate), die durch die mutierte Zelle Streptomyces viridochromogenes GW4 synthetisiert worden waren, wurde nach Etylierung mit GC-MS-Analyse durchgeführt. Die Derivate wurden in einer Mischung aus DMSO und Acetonitril (3:40) gelöst. Nach Zugabe von Ethyliodid und K_2CO_3 lief die Reaktion über Nacht ab. Nach Abziehen des Lösungsmittels wurden die Derivate mit HCl/Methanol bei 115°C für 15
15 min hydrolysiert. Nach Abziehen des Lösungsmittels wurden die Derivate mit Diethylether extrahiert und mit GC-MS analysiert. Ein Hewlett Packard 5973 MSD System wurde verwendet um EI (electron impact) Spektren (Säule: SE54, 12m x 0.25mm; $d_f = 0.125\mu$). Die Säulentemperatur wurde wie folgt programmiert: 50°C für 2 min; 25°C/min bis 100°C; 5°C/min bis
20 250°C.

Beispiel 2:

Klonierung und Sequenzierung des Avilamycin Clusters

25

Ein 60kb Abschnitt des Chromosoms des S. viridochromogenes Tü57, das Gene enthält, die an der Biosynthese von Avilamycin beteiligt sind, wurde kloniert und sequenziert. Eine Analyse der DNA-Sequenz ergab 54 „open reading frames“. Es war bereits bekannt, daß das NDP-Glucose 4,6-

Dehydratase Gen *aviE* und das Orsellinsäure Synthase-Gen *aviM* essentiell für die Biosynthese von Avilamycin A sind. Es wurde die DNA, die die *aviE* und *aviM*-Gene flankiert, isoliert und sequenziert, um den biosynthetischen Avilamycin-Gencluster zu identifizieren. Ein 17.6 kb Stück upstream von *aviM* und ein 35.9 kb Stück downstream von *aviE* wurden sequenziert. Die sequenzierten Gene und ihre Funktion sind Tabelle 1 zu entnehmen. Abb. 109 zeigt die genetische Anordnung des biosynthetischen Avilamycin-Genclusters. Der Cluster wird durch ein Avilamycin-Resistenz-Gen (*aviRb*) und einem Desoxyzucker-Synthese-Gen (*aviZ2*) flankiert. Im Zentrum des sequenzierten Abschnitts sind 25 Gene (*aviX10- aviGT4*), die alle in gleicher Richtung transkribiert werden.

Beispiel 3:

Analyse der ORF's

15

a) Allgemein

Es wurde eine Computeranalyse der gefundenen Sequenzen der ORF's durchgeführt. Überwiegend wurden die Ergebnisse eines Sequenzvergleichs mit den Kenntnissen über die Biosynthese des Avilamycins in Verbindung gesetzt. Die Ergebnisse dieser auf die vorliegenden Experimente gestützten Überlegungen sind in Tabelle 1 abzulesen.

Im folgenden werden die funktionellen Überlegungen an ausgewählten Beispielen, insbesondere den Methyltransferasen und Halogenasen vorgestellt.

b)

Gene mit ihrer Funktion in der Biosynthese von Dichloroisovalerinsäure

AviM ist für die Bildung von Orsellinsäure während der Avilamycin-Biosynthese verantwortlich. *AviN*, das upstream von *aviM* liegt, dürfte für ein Enzym, das das Startsignal für Orsellinsäure-Synthese kontrolliert, kodieren. Da die Biosynthese von Dichloroisoeberninsäure (A in Formel I) ausgehend von Orsellinsäure Methylierung und Di-Halogenierung voraussetzt, wurde vermutet, daß *AviG4*, das *DmpM*, einer O-Demethylpuromycin-O-Methyltransferase aus *S. alboniger* (44% identische AS) ähnelt, und *AviH*, die *PltA*, einer Halogenase aus *Pseudomonas fluorescens* Pf-5, die an der Pyoluteorinbiosynthese (39% identische AS) beteiligt ist, ähnelt, für die Modifizierung der Orsellinsäure verantwortlich sind.

c)

15 **Gene mit einer Funktion in der Biosynthese von Desoxy-Zuckern.**

2-Deoxy-D-Evalose unterscheidet sich von D-Olivose in einer Methylgruppe an C3-Position. Es ist anzunehmen, daß dNDP-4-keto-2,6-Didesoxy-D-Glucose ein wichtiges Zwischenprodukt in der Biosynthese dieses methylierten Desoxyzuckers ist. Methylierung durch *AviG1*, das *TylCIII* ähnelt, einer 3C-Methyltransferase aus *S. fradiae* (54% identische AS), und Ketoreduktion durch entweder *AviZ1* oder *AviZ2*, die beide Ketoreduktasen and Oxidoreduktasen ähneln, komplettieren die Biosynthese.

25

d)

Gene mit einer Funktion in der Modifikation der Heptasaccharid-Kette

Neben *aviG1*, *aviG4*, *aviRa* and *aviRb* wurden vier weitere

Methyltransferase-Gene im Cluster gefunden (*aviG2*, *aviG3*, *aviG5* und *aviG6*). Sie wurden dadurch als potentielle Methyltransferase-Gene identifiziert, daß entweder ihr Produkt Methyltransferasen aus anderen Organismen ähnelt, oder daß sie Motive enthalten, die typischerweise in verschiedenen methylierenden Proteinen gefunden werden. Es wurden von einer erfindungsgemäßen Zelllinie verschiedene Avilamycin-Derivate, die keine Methylgruppe an verschiedenen Positionen im Molekül enthielten, produziert. Das weist darauf hin, daß die Methylierung zu einem sehr späten Zeitpunkt der Biosynthese erfolgt. *AviG2*, *AviG3*, *AviG5* und *AviG6* dürften am D-Fucose-Rest (E), D-Mannose-Rest (F) und am Methyl-Eurekanat-Rest (H) von Avilamycin A methylieren.

Beispiel 4:

Herstellung einer *aviG4*-Gen Substitutionsmutante

15

Zur Inaktivierung von *aviG4* wurde das Plasmid pMIKG4E3 konstruiert (s. Beispiel 1), um den Ersatz des Wildtyp-Gens durch ein mutiertes Allel zu erlauben. Nach Bildung von Protoplasten und Transformation von *S. viridochromogenes* mit dem Plasmid pMIKG4E3, wurden Erythromycin resistente Kolonien erhalten. Die Transformationseffektivität war ungefähr 10 Kolonien pro µg Plasmid-DNA. Mehrere Kolonien wurden ohne Erythromycin auf Platten kultiviert, um nach dem Verlust der Rsistenz zu selektieren. Verschiedene sensitive Kolonien wurden erhalten, was darauf hindeutet, daß es sich um die Folge eines „double cross-over“ handelt. Zwei Mutanten, G4/24/20 und G4/24/30, wurden weiter untersucht. PCR-Fragmente, die unter Benutzung der Primer *aviG4F*- und *aviG4R*-DNA von G4/24/20 und G4/24/30 amplifiziert wurden, konnten nicht von *NcoI* geschnitten werden, während PCR-Fragmente aus Wildtyp-DNA von diesem Enzym geschnitten werden konnten. Um die Deletion in *aviG4* nachzuweisen wurden wie folgt Southern-Blot-Analysen durchgeführt.

NcoI-geschnittene, chromosomale DNA wurde aus G4/24/20 und G4/24/30 gewonnen. Als diese DNA mit einem 1.9 kb-Fragment, das das ganze *aviG4*-Gen enthielt, hybridisiert wurde, wurde ein 11 kb-Fragment detektiert, während die zu erwartenden 5 kb- und 6 kb-Fragmente in der
5 *S. viridochromogenes* Tü57 Linie gefunden wurden (Abb. 110). Die Mutante G4/24/30 wurde unter dem neuen Namen *S. viridochromogenes* GW4 für weitere Experimente genutzt.

Beispiel 5



10 Herstellung einer *aviG4*– *aviH* Doppelgen-Ersatz-Mutante

Das Plasmid pSP 1 S2Nar wurde entwickelt, um das *aviH*-Gen auszuschalten (s. Beispiel 1). *S. viridochromogenes* GW4 Protoplasten wurden mit diesem Plasmid transformiert. Es traten ca. 20 erythromycin-
15 resistente Kolonien pro µg DNA auf. Einige davon wurden zum Screening, ob die Erythromycin-Resistenz verloren geht (was ein „double-cross-over“ anzeigt), kultiviert. Die Mutante GW4-AM1 wurde für weitere Experimente ausgewählt. Ein 1.34 kb PCR-Fragment, das unter Verwendung der Primer S2A und S2B aus H/3/16 gewonnen wurde, konnte von *NarI* nicht
20 geschnitten werden, während das PCR-Fragment aus GW4 vom Enzym verdaut wurde. Um die Deletion in *aviH* nachzuweisen wurde eine Southern-Blot-Analyse durchgeführt. Chromosomale DNA aus H/3/16 wurde mit *NarI* geschnitten und mit einer 3,7 kb Sonde, die das *aviH*-Gen enthielt, hybridisiert. Es wurde ein 5.7 kb-Fragment detektiert, während
25 bei chromosomaler DNA aus GW4 die Fragment erwartungsgemäß bei 4.3 kb und 1.4 kb lagen (nicht gezeigt).

Beispiel 6:

Vervollständigung von *S. viridochromogenes* GW4 and *S.*

virid chromogen s GW4-AM1

Um klar zu überprüfen, ob die Mutation nur die gewünschten und keine anderen Gene betrifft, wurden *aviG4* und *aviH* hinter dem ermE-up
5 promoter ligiert, in das Integrationsplasmid pSET152 einkloniert und durch Protoplasten-Transformation in die entsprechenden Mutanten eingeführt. Die Production von Avilamycin bzw. Gavibamycin wurde wieder hergestellt. Damit ist jede Art von „upstream“- oder „downstream“-Effekt auszuschliessen.

10

Beispiel 7:

Analyse der neugebildeten Avilamycin-Derivate durch *S. viridochromogenes* GW4 und *S. viridochromogenes* GW4-AM1

15 Avilamycin A (M+Na: 1425) und Avilamycin C (M+Na: 1427) wurden in Extrakten von *S. viridochromogenes* Tü57 durch Flüssigchromatographie (LC)-Masenspektrometrie-Analyse nachgewiesen. Avilamycin C war die Hauptkomponente. Messung bei hoher Auflösung zeigte, daß beide Verbindungen 2 Chloratome enthalten, die an ihm typischen
20 Isotopenmuster erkannt werden können. Die Masse der zwei durch *S. viridochromogenes* GW4 gebildeten Hauptverbindungen war 1411 (M+Na) and 1413 (M+Na) (Abb. 111) was zeigt, daß *aviG4* wirklich für eine Methyltransferase kodiert. Die Hauptprodukte der Mutante GW4 wurden isoliert, durch Behandlung mit Ethyliodid ethyliert und unter Verwendung
25 von Methanol and Salzsäure hydrolysiert. Die Reaktionsprodukte wurden durch GC-MS analysiert. Das Massenspektren dieser Probe zeigten mehrere Peaks (Abb. 112). Der Peak by m/z 436 entspricht dem D-Olivosylester der Dichloro-di-O-ethyl-orsellinsäure und die meisten weiteren Peaks (m/z 405, m/z 275, m/z 247) entsprachen Fragmenten, die
30 vom Orsellinsäure-Rest ausgehen (Abb. 112). Das legt den Schluß nahe,

daß die Differenz zwischen Avilamycin A (C) und dem neuen Derivat, Gavibamycin A1 (A3), aus einer Veränderung der Struktur des Orsellinsäure-Rests resultiert.

- 5 Gavibamycin A1 und A3 entsprechen der allgemeinen Formel I mit der folgenden Bedeutung für die Reste R1-R8:

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8
A1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
A3	COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃

S. viridochromogenes GW4-AM1 wurde auch durch HPLC-MS analysiert.

- 10 Die Masse der zwei Haupt-Avilamycin-Derivate war 1343 (M+Na) und 1345 (M+Na). Bei einem Vergleich des Isotopenmusters der Haupt-Derivate aus der Mutante GW4 zeigte das Isotopenmuster der Hauptprodukte der Mutante GW4-AM1 keine spezifischen Signale für Chloridionen (Abb. 111), was darauf hindeutet, daß die Inaktivierung von
- 15 *aviH* zum Verlust beider Chlorid-Atome führt. Die neuen Derivate wurden Gavibamycin B 1 (Avilamycin A-Analogon) und Gavibamycin B3 (Avilamycin C-Analogon) genannt.

Gavibamycin B1 und B3 entsprechen der allgemeinen Formel I mit der

20 folgenden Bedeutung für die Reste R1-R8:

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8
B1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
B3	COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃

Beispi I 8:

Biologische Eigenschaften von Gavibamycin A3

Das antimikrobielle Spectrum von Gavibamycin A3 wurde bestimmt und mit dem von Avilamycin A verglichen. Dabei wurde die „broth-microdilution“-Methode gemäß den Vorschriften des nationalen Kommittees für klinische Labor-Standards angewandt. Beide Metaboliten zeigten antibiotische Aktivität gegen *Bacillus subtilis*, *Staphylococcus aureus* ATCC6538, *Staphylococcus aureus* ATCC6538P, *Staphylococcus aureus* ATCC29213, *Staphylococcus aureus* Q48-1.2.1, *Enterococcus faecalis* ATCC29212, *Enterococcus faecalis* H-7-6 and *Streptococcus pneumoniae* ATCC49619.

Erste Tests zeigen weiter, daß Gavibamycin A3 etwas aktiver gegen verschiedene *Staphylococcus aureus* Stämme ist als Avilamycin A und es scheint zusätzlich viel hydrophiler zu sein wie an den Rf-Werten abzusehen ist. Auch die nicht-chlorierten Gavibamycin-Derivate waren antibiotisch aktiv.

Beispiel 9

20 Parenterale Applikationsform

65 g Gavibamycin A3 werden in 1 l Wasser für Injektionszwecke bei Raumtemperatur gelöst und anschließend durch Zugabe von wasserfreier Glukose für Injektionszwecke auf isotone Bedingungen eingestellt.

25 Appliziert werden davon bei einem Durchschnittspatienten von ca. 65 kg Körpergewicht beispielsweise 0,5 ml also 32,5 mg bzw. $\approx 500 \mu\text{g/kg}$. Die verabreichte Dosis zeigte keinerlei Kontraindikation und erwies sich für die Patienten als gut verträglich.

Zusammenfassend ist festzustellen, daß erfindungsgemäß eine detaillierte Sequenzanalyse des *avi* Gensatzes mehrere Merkmale aufweist, die ein Modell eines biosynthetischen Stoffwechselwegs zu erfindungsgemäßen komplexen Oligosaccharid-Antibiotika vorschlagen. Die Funktion der für die Zuckerbiosynthese verantwortlichen Gene kann aus ihren Aminosäuresequenzen abgeleitet werden, die solchen Proteinen ähneln, die an der Biosynthese von D-Olivose in anderen Organismen beteiligt sind. Wie für die Biosynthese von D-Olivose in *Streptomyces violaceoruber* Tü22 (Granaticin-Produzent) und *Streptomyces fradiae* (Urdamycin-Produzent) beschrieben, beginnt die Biosynthese vom Glukose-1-Phosphat, das zu dTDP-D-Olivose und dTDP-2-Deoxy-D-Evalose durch mehrere Enzyme konvertiert wird. Ein neues Merkmal in diesem Stoffwechselweg ist, daß daran drei verschiedene dNDP-Hexose-4,6-Dehydratase-Gene beteiligt sind. Auf der Basis von Sequenzhomologien ist AviE1 eine dTDP-Glukose-4,6-Dehydratase und AviE3 eine GDP-Mannose-4,6-Dehydratase, was anzeigt, daß die Biosynthese von einigen dieser verschiedenen Zuckereinheiten aus verschiedenen nukleotidgebundenen Hexosepools beginnt. Auf der Basis der Struktur von Avilamycin A und außerdem indiziert durch die vermeintliche Funktion von einigen Genprodukten beginnt die Biosynthese von D-Lyxose sogar von einem dritten Zucker-Pool, so daß es sich um ein Produkt des Pentose-Phosphat-Stoffwechselwegs handeln könnte. Rest H von Avilamycin A ist ursprünglich als Methyleurekanat, abgeleitet von 2,3-di-O-Methylen-4,5-Dihydroxyhexansäure, beschrieben worden. Die erfindungsgemäße Sequenzanalyse allerdings zeigt, daß Methyleurekanat auch das Produkt eines biosynthetischen Zuckerstoffwechselwegs ist. Dies alles zusammengekommen läßt aufgrund der Zahl der Zuckereinheiten darauf schließen, daß das Avilamycin-Cluster sechs Glykosyltransferase-Gene aufweist. Allerdings sind nur vier im erfindungsgemäßen Avilamycin-Cluster gefunden worden. Eine denkbare Erklärung könnte die Beteiligung von einer oder mehr

Glykosyltransferasen in mehreren Syntheseschritten sein oder die Beteiligung von Glykosyltransferasen, die in Regionen außerhalb dieses Gen-Clusters codiert werden. Drei von vier Glykosyltransferasen erinnern stärker an Glykosyltransferasen für die Biosynthese von O-Antigen-
5 Strukturen oder Zellwandpolysacchariden, was durch die polysaccharidähnliche Struktur von Avilamycin erklärt werden kann.

Der *avi* Stoffwechselweg enthält sogar weitere interessante Merkmale: zwei Orthoesterbrücken und eine Methylenbrücke. Unter Berücksichtigung
10 der oxidativen Natur dieser C-O-C-Arrangements dürften die α -Ketoglutarat-abhängigen Oxygnasen *AviO1*, *AviO2* und *AviO3* die Bildung dieser seltenen Bindung katalysieren. Es wird daher erfindungsgemäß beschrieben, daß solche Enzyme molekularen Sauerstoff als direkten Elektronenakzeptor für die Oxidation durch den Gebrauch von α -
15 Ketoglutarat als Cosubstrat verwenden und hierdurch schließlich die C-O-C-Bindungen, Succinat und CO_2 produzieren. Avilamycin A-Heptasaccharid wird durch Methylierung, durch Ankopplung von Acetat, Ankopplung von Dichloroisoeberninsäure und durch Ankopplung von einer Isobutyryleinheit modifiziert. Sechs Methyltransferase-Gene sind im
20 Cluster vorhanden, was der Zahl nach für die Avilamycin-Biosynthese ausreicht, während die Gene die für die Ankopplung der anderen Reste verantwortlich sind, noch nicht lokalisiert worden sind. Interessanterweise wurde erfindungsgemäß herausgefunden, daß *aviB1* und *aviB2* solche Enzyme kodieren, die der Alpha- und der Beta-Kette von Komponenten 1
25 der 2-Oxosäuredehydrogenase-Komplexe ähnlich sind. Diese Komplexe werden normalerweise aus 3 enzymatischen Einheiten zusammengesetzt, nämlich den TPP-abhängigen Dyhydrogenasen (Heterotetramere ($\alpha_2\beta_2$), Dihydrolipoamide-Acetyltransferasen (Homomultimere) und Dihydrolipoamid-Dehydrogenasen (Homodimere). Die ORFs, die für die
30 letztgenannten Komponenten dieser Komplexe kodieren, sind entweder

noch nicht lokalisiert worden innerhalb des Clusters oder werden für die Biosynthese von Avilamycin überhaupt nicht gebraucht.

Weiterhin wurde Gavibamycin A3 auf seine antibiotische Aktivität getestet.

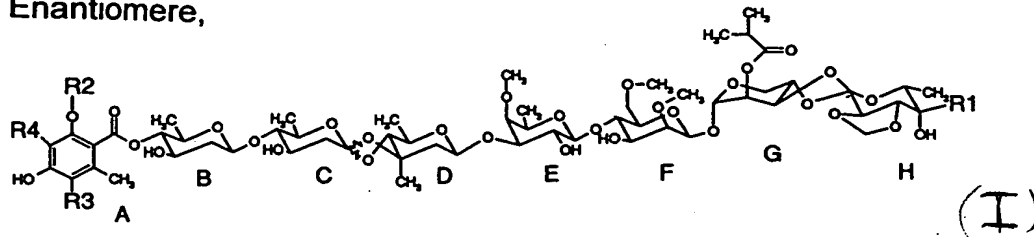
- 5 Die ersten MIC-Versuche zeigten, daß Gavibamycin A3 etwas stärker gegen verschiedene *Staphylococcus aureus*-Stämme als Avilamycin A aktiv ist. Darüber hinaus ist es etwas stärker hydrophil als Avilamycin A, wie durch die Retentionsfaktoren aus der TLC und HPLC-Analyse gezeigt wurde. Die nicht-chlorierten Gavibamycin-Derivate sind auch antibiotisch
- 10 aktiv.

Literatur:

- Buzzetti, F., Eisenberg, F., Grant, H.N., Keller-Schierlein, W., Voser, W., Zähler, H. (1968) *Experientia* 24(4): 320-323.
- 5 - Foster, D.R., Rybak, M.J. (1999) *Pharmacotherapy* 19:1111-1117
- Langer, E. (1987) Vergleichende Untersuchungen zur Wirkungsweise von Avilamycin A und Eveminomicin B. Diplomarbeit der Fakultät für Biologie, Eberhard-Karls-Universität Tübingen.
- Mertz, J.L., Peloso, J.S., Barker, B.J., Babbitt, G.E., Occolowitz, J.L.,
10 Simson, V.L., Kline, R.M. (1986) *Antibiot* 39(7): 877-887.
- Walker, C.A. (1976) Eveminomycin B - a possible site of action. 16th Interscience conference on antimicrobial agents and chemotherapy, Abstract 116
- Weitnauer, G., Bechthold, A. (1999) *PZ Prisma* 2:117-125..
- 15 - Wolf, H. (1973) *FEBS Lett* 36(2): 181-186.
- Wright, D. (1979) *Tetrahedron Lett.* 35:1207-1237
- Zähler, H. (1999) Tübingen, persönliche Mitteilung

Patentansprüche

1. Avilamycin-Derivat gemäß allgemeiner Formel I, auch in Form seiner Diastereomere oder Enantiomere bzw. racemischer oder anderer Gemische oder reiner Diastereomere und/oder Enantiomere,



Name of the compound	R1	R2	R3	R4
Avilamycin A	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl
Avilamycin C	CH(OH)CH ₃	OCH ₃	Cl	Cl
Gavibamycin A1	COCH ₃	OH	Cl	Cl
Gavibamycin A3	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl
Gavibamycin B1	COCH ₃	OH	H	H
Gavibamycin B3	CH(OH)CH ₃	OH	H	H

, worin unabhängig voneinander mit unten folgender Ausnahme

R1 ausgewählt ist aus H, COCH₃, COCH₂CH₃, COC₄H₉ oder COCH(CH₃)₂,

R2 ausgewählt ist aus H, CHO, COCH₃ oder CH(OH)CH₃,

R3 OCH₃ entspricht,

R4 Cl entspricht,

R5 Cl entspricht,

R6 CH₃ entspricht,

R7 H, CH₃ oder CH₂OH entspricht,

und

R8 OCH₃ entspricht,

5

dadurch gekennzeichnet, daß in Bezug auf mindestens einen der Reste R2-R8 in Formel I abweichend von der voranstehenden Definition folgendes gilt:

10

R3 ist durch OH zu ersetzen,

R4 ist durch H zu ersetzen,

R5 ist durch H zu ersetzen,

15

R6 ist durch H zu ersetzen,

und/oder

20

R8 ist durch OH zu ersetzen,

mit der Maßgabe, daß R1-R8 nicht gleichzeitig die Bedeutungen gemäß der jeweiligen Kombination in einer der Verbindungen 1 - 6 annehmen können:

25

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8
1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
2	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
3	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	H	CH ₃	OCH ₃
4	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OH

2. Avilamycin-Derivat gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß mindestens R3 durch OH zu ersetzen ist, mit der Maßgabe, daß R1-R8 nicht gleichzeitig die Bedeutungen gemäß der Kombination in der Verbindung 1 annehmen können:

5

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8
1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃

3. Avilamycin-Derivat gemäß einem der Ansprüche 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß mindestens R4 und R5 in Formel I durch H zu ersetzen sind.

10

4. Avilamycin-Derivat gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, daß mindestens R3 durch OH, R4 und R5 durch H zu ersetzen sind.

15

5. Avilamycin-Derivat gemäß allgemeiner Formel I, auch in Form seiner Diastereomere oder Enantiomere bzw. razemischer oder anderer Gemische oder reiner Diastereomere und/oder Enantiomere, ausgewählt aus Verbindungen, in denen R1-R8 jeweils wie folgt kombiniert sind:

20

R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH ₂ CH ₃	H	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
H	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
H	CH(OH)CH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COC ₄ H ₉	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH ₂ CH ₃	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	H	CH ₃	OCH ₃

COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₂ OH	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CHO	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	H	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OH
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH ₂ CH ₃	H	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH ₃	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
H	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
H	CH(OH)CH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COC ₄ H ₉	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	H	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₂ OH	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	CHO	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	H	OCH ₃
COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	H	CH ₃	CH ₃	OH

6. Avilamycin-Derivat, dadurch erhältlich, daß in einer kultivierbaren Zelle, die die nötigen Gene bzw. Enzyme zur Synthese eines Orthosomycin-Grundkörpers bestehend aus

- (a) einem endständigen Dichloroisoeberninsäure-Rest (A in Formel I) und
(b) einem damit veresterten, über normale Esterbindung und Orthoesterbindungen verknüpften Heptasaccharid (B bis H in Formel I) aus:

- (i) zwei D-Olucose-Resten (B und C)
(ii) einem 2-Desoxy-D-Evalose-Rest (D),
(iii) einem D-Fucose (E),
(iv) einem D-Mannose-Rest (F),
(v) einem L-Lyxose-Rest (G) und

(vi) einem (Methyl-)Eurekanat Rest (H)

5 aufweist, mindestens eine Nukleinsäure, deren Sequenz zu
mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der
Nukleinsäuresequenz gemäß einer Sequenzen mit den laufenden
Nr. 1 bis 54 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) entspricht,
gentechnologisch verändert, deletiert oder nicht exprimiert wird, die
so modifizierte Zelle kultiviert wird, der Kulturüberstand gewonnen
und aufgearbeitet wird, das oder die Avilamycin-Derivat/e
10 aufgereinigt und isoliert wird und gegebenenfalls verschiedene
Derivate getrennt werden,

mit der Maßgabe, daß R1-R8 nicht gleichzeitig die Bedeutungen
gemäß der jeweiligen Kombination in einer der Verbindungen 1 - 16
15 annehmen können:

Nr.	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8
1	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OH	H	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
2	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	H	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
3	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	H	CH ₃	OCH ₃
4	COCH(CH ₃) ₂	CHO	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
5	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	H	OCH ₃
6	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OH
7	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
8	COCH(CH ₃) ₂	H	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
9	COCH ₃	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
10	COCH(CH ₃) ₂	CH(OH)CH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
11	H	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
12	COCH ₃	CH(OH)CH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
13	H	CH(OH)CH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
14	COC ₄ H ₉	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃
15	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₂ OH	OCH ₃
16	COCH(CH ₃) ₂	COCH ₃	OCH ₃	Cl	Cl	CH ₃	CH ₃	OCH ₃

7. Avilamycin-Derivat gemäß Anspruch 6, dadurch gekennzeichnet, daß die kultivierbare Zelle ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes* oder einer Zelle, die mit Ausnahme der gentechnologisch veränderten, deletierten oder nicht exprimierten Nukleinsäure/n die Nukleinsäuren gemäß einer Sequenz einer der laufenden Nr. 1-54 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) bzw. dazu zu mindestens 95%, vorzugsweise 97 %, homologe Nukleinsäuren enthält oder das Gencluster gemäß Abb. 109 enthält, vorzugsweise ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes*, insbesondere einer Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes* Tü 57.
8. Avilamycin-Derivat gemäß einem der Ansprüche 6 oder 7, dadurch gekennzeichnet, daß die veränderte/n Nukleinsäure/n für eine Methyltransferase und/oder für eine Halogenase kodierte/n.
9. Avilamycin-Derivat gemäß Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, daß die Sequenz der veränderte/n Nukleinsäure/n vor der Veränderung zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1, 2-7 oder 48-49 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1 oder 2-7 (Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), insbesondere einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1 und/oder 2 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), entspricht.
10. Avilamycin-Derivat gemäß einem der Ansprüche 6 bis 9, dadurch gekennzeichnet, daß die Veränderung der Nukleinsäure/n dazu führt, daß das oder die durch die gentechnologisch veränderte/n Nukleinsäure/n kodierte/n Protein/e oder Polypeptid/e nach der

gentechnologischen Veränderung nicht mehr synthetisiert wird/werden.

- 5 11. Avilamycin-Derivat, gemäß einem der Ansprüche 1 bis 4, 5 oder 6 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es hydrophiler ist als Avilamycin A oder C bzw. Everninomycin (Ziracin).
- 10 12. Nukleinsäure in ihrer Sequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, entsprechend der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1 bis 51 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1).
- 15 13. Nukleinsäure gemäß Anspruch 12, dadurch gekennzeichnet, daß die Nukleinsäure zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1 bis 32 und 48 bis 51 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise 1 bis 7, insbesondere 1 oder 2, entspricht.
- 20 14. Gencluster enthaltend „Open reading frames“, vorzugsweise 54, die in ihrer Nukleinsäuresequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, den Nukleinsäuresequenzen gemäß den Sequenzen mit laufender Nr. 1 bis 54 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) entsprechen und die auf einem Nukleinsäurestrang angeordnet sind, vorzugsweise gemäß Abb. 109.
- 25 15. Protein oder Polypeptid in seiner Aminosäuresequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, entsprechend der Aminosäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit laufender Nr. 55 – 104 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1).
- 30

16. Protein oder Polypeptid gemäß Anspruch 15, dadurch gekennzeichnet, daß das Protein oder Polypeptid zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit laufender Nr. 55 bis 86 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise 55 bis 61, insbesondere 55 oder 56, entspricht.
17. Protein oder Polypeptid kodiert durch eine Nukleinsäure gemäß einem der Ansprüche 12 oder 13.
18. Gentechnologisch veränderte Zelle enthaltend mindestens eine nicht endogene Nukleinsäure gemäß einem der Ansprüche 12 oder 13, einen nicht-endogenen Gencluster gemäß Anspruch 14 und/oder ein nicht-endogenes Protein oder Polypeptid gemäß einem der Ansprüche 15-17.
19. Zelle enthaltend mindestens eine gentechnologisch veränderte Nukleinsäure, deren Sequenz vor der Veränderung zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1 bis 54 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) entsprach.
20. Zelle vom Typ *Streptomyces viridochromogenes*, vorzugsweise vom Subtyp Tü57, dadurch gekennzeichnet, daß mindestens eine der Nukleinsäuren mit einer Sequenz gemäß einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1-54 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) gentechnologisch verändert oder deletiert wurde.
21. Zellen gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß mindestens eine der Nukleinsäuren mit einer Sequenz gemäß einer

der Sequenzen mit laufender Nr. 1, 2-7 oder 48-49 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise 1 oder 2-7, insbesondere 1 und/oder 2 gentechnologisch verändert oder deletiert wurde.

- 5 22. Verwendung einer Nukleinsäure gemäß einem der Ansprüche 12
oder 13, eines Genclusters gemäß Anspruch 14, eines Proteins
oder Polypeptids gemäß einem der Ansprüche 15 bis 17 und/oder
einer Zelle gemäß einem der Ansprüche 18 bis 21 zur Herstellung
eines Avilamycin-Derivats, vorzugsweise gemäß einem der
10 Ansprüche 1 bis 11.
23. Verfahren zur Herstellung von Avilamycin-Derivaten gemäß einem
der Ansprüche 1 bis 5 gekennzeichnet durch folgende Schritte:
- 15 (1) in einer kultivierbaren Zelle, die die nötigen Gene bzw. Enzyme
zur Synthese des Orthosomycin-Grundkörpers bestehend aus
- 20 (a) einem endständigen Dichloroisoeberninsäure-Rest (A in
Formel I) und
- 20 (b) einem damit veresterten, über normale Esterbindung und
Orthoesterbindungen verknüpften Heptasaccharid (B bis H
in Formel I) aus:
- 25 (i) zwei D-Olucose-Resten (B und C)
- 25 (ii) einem 2-Desoxy-D-Valose-Rest (D),
- 25 (iii) einem D-Fucose (E),
- 25 (iv) einem D-Mannose-Rest (F),
- 25 (v) einem L-Lyxose-Rest (G) und
- 30 (vi) einem (Methyl-)Eurekanat Rest (H)

5 aufweist, wird mindestens eine Nukleinsäure, deren Sequenz zu mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen mit laufenden Nr. 1 bis 54 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) entspricht, gentechnologisch verändert, deletiert oder nicht exprimiert,

- 10 (2) die so gentechnologisch veränderte Zelle wird kultiviert,
(3) der Kulturüberstand wird gewonnen,
(4) der Kulturüberstand wird aufgearbeitet und dabei das oder die entstandene/n Avilamycin-Derivat/e aufgereinigt und isoliert,
(5) gegebenenfalls werden unterschiedliche Derivate getrennt.

15 24. Verfahren gemäß Anspruch 23, dadurch gekennzeichnet, daß die kultivierbare Zelle ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ Streptomyces viridochromogenes oder einer Zelle, die mit Ausnahme der gentechnologisch veränderten, deletierten oder nicht exprimierten Nukleinsäure die Nukleinsäuren gemäß einer Sequenz mit laufender Nr. 1-54 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1) bzw. dazu
20 zu mindestens 95%, vorzugsweise 97 %, homologe Nukleinsäuren enthält oder den Gencluster gemäß Anspruch 14 enthält, vorzugsweise ausgewählt ist aus einer Zelle vom Typ Streptomyces viridochromogenes, insbesondere einer Zelle vom Typ Streptomyces viridochromogenes Tü 57.

25 25. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 23 oder 24, dadurch gekennzeichnet, daß die veränderte/n Nukleinsäure/n für eine Methyltransferase und/oder für eine Halogenase kodiert/en.

30 26. Verfahren gemäß Anspruch 25, dadurch gekennzeichnet, daß die Sequenz der veränderte/n Nukleinsäure/n vor der Veränderung zu

mindestens 95%, vorzugsweise 97%, insbesondere genau, der Nukleinsäuresequenz einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1, 2-7 oder 48-49 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), vorzugsweise einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1 oder 2-7 (gemäß Tabelle 1 i.V.m. Abb. 1), insbesondere einer der Sequenzen mit laufender Nr. 1 und/oder 2, entsprach.

27. Verfahren gemäß einem der Ansprüche 23 bis 26, dadurch gekennzeichnet, daß die Veränderung der Nukleinsäure/n dazu führt, daß das oder die durch die gentechnologisch veränderte/n Nukleinsäure/n kodierte/n Protein/e oder Polypeptid/e nach der gentechnologischen Veränderung nicht mehr synthetisiert wird/werden.
28. Arzneimittel enthaltend Avilamycin-Derivate gemäß einem der Ansprüche 1 bis 11 sowie gegebenenfalls geeignete Zusatz- und/oder Hilfsstoffe.
29. Verwendung eines Avilamycin-Drivats gemäß einem der Ansprüche 1 bis 11 zur Herstellung eines Arzneimittels mit antibiotischer Wirkung zur Behandlung bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung von Erkrankungen, bspw. Infektionskrankheiten.

Zusammenfassung

Die Erfindung betrifft Avilamycin-Derivate, gentechnologische biosynthetische Verfahren zu deren Herstellung, Arzneimittel enthaltend
5 diese Verbindungen, sowie die Verwendung dieser Verbindungen zur Herstellung eines Arzneimittels gegen Infektionskrankheiten wie auch Nucleinsäuren, Proteine und Gencluster und entsprechende Zellen, die mit der Herstellung dieser Avilamycin-Derivate verbunden sind.

Abb. 1

**Sequenz des Avilamycin-
Biosynthesegenclusters
(Genstarts sind besonders
gekennzeichnet)**

```

      D V M R V A A F T S L L Q I S V S A
      I W W G Y P P S R R C F S S R C P R
      S G G D T R R R V D V S A P D V R V
-----
3' CCT AGG TGG TAG GCA TGC CGC CGC TTG CAG CTG TCT TCG ACC TAG CTG TGC CTG
      9      18      27      36      45      54
5' GGA TCC ACC ATC CGT ACG GCG GCG AAC GTC GAC AGA AGC TGG ATC GAC ACG GAC
-----
      G S T I R T A A N V D R S W I D T D
      D P P S V R R R T S T E A G S T R T
      I H H P Y G G E R R Q K L D R H G R

      R A N N L S R R P P R G T V T T L S
      A R T T * R G G R R G G P S P P * R
      R A R Q E A V A E A A E R H R H D V
-----
CGC GCG CGC AAC AAG TCG CTG GCG GAG CCG CCG GAG GGC CAC TGC CAC CAG TTG
      63      72      81      90      99      108
GCG CGC GCG TTG TTC AGC GAC CGC CTC GGC GGC CTC CCG GTG ACG GTG GTC AAC
-----
      A R A L F S D R L G G L P V T V V N
      R A R C S A T A S A A S R * R W S T
      A R V V Q R P P R R P P G D G G Q R

      A S A A P T A S I C K P A P R S R R
      R P R P R R R R S A S R R P G R G G
      V R V R G A D G L H V E A R A A V A
-----
CTG CGC CTG CGC CGG CCG CAG CGG CTC TAC GTG AAG CCG CGC CCG GCG CTG GCG
      117      126      135      144      153      162
GAC GCG GAC GCG GCC GGC GTC GCC GAG ATG CAC TTC GGC GCG GGC CGC GAC CGC
-----
      D A D A A G V A E M H F G A G R D R
      T R T R P A S P R C T S A R A A T A
      R G R G R R R R D A L R R G P R P P

      P V T I R R V R P V P M P L A S N M
      P C R S G G * G R C P C R C R A T *
      P A G H D E E G E A R A D A A R Q E
-----
GCC CCG TGG CAC TAG GAG GAG TGG GAG CCG TGC CCG TAG CCG TCG CGC GAC AAG
      171      180      189      198      207      216
CGG GGC ACC GTG ATC CTC CTC ACC CTC GGC ACG GGC ATC GGC AGC GCG CTG TTC
-----
      R G T V I L L T L G T G I G S A L F
      G A P * S S S P S A R A S A A R C S
      G H R D P P H P R H G H R Q R A V H

      S P A R T G L V S S P W R S S W P W
      R R R G P G W C P A P G G R V G H G
      D V A G Q D G V R L Q A V E F E M A
-----
TAG CTG CCG CGG GAC CAG GGG TTG TGC CTC GAC CCG GTG GAG CTT GAG GTA CCG

```

		225			234				243				252			261			270
ATC	GAC	GGC	GCC	CTG	GTC	CCC	AAC	ACG	GAG	CTG	GGC	CAC	CTC	GAA	CTC	CAT	GGC		

I	D	G	A	L	V	P	N	T	E	L	G	H	L	E	L	H	G		
S	T	A	P	W	S	P	T	R	S	W	A	T	S	N	S	M	A		
R	R	R	P	G	P	Q	H	G	A	G	P	P	R	T	P	W	P		

S	A	S	F	R	A	E	L	L	A	L	S	S	S	S	S	L	Q		
H	R	R	S	A	R	R	W	C	P	W	P	P	R	P	A	S	S		
M	V	G	L	L	A	G	G	A	L	G	P	L	V	L	L	Q	A		

GTA	CTG	CGG	CTC	TTC	GCG	CGG	AGG	TCG	TTC	CGG	TCC	CTC	CTG	CTC	CTC	GAC	TCG		
		279				288				297					315				
CAT	GAC	GCC	GAG	AAG	CGC	GCC	TCC	AGC	AAG	GCC	AGG	GAG	GAC	GAG	GAG	CTG	AGC		

H	D	A	E	K	R	A	S	S	K	A	R	E	D	E	E	L	S		
M	T	P	R	S	A	P	P	A	R	P	G	R	T	R	S	*	A		
*	R	R	E	A	R	L	Q	Q	G	Q	G	G	R	G	A	E	L		

S	C	Q	A	R	R	T	W	F	Y	R	A	W	T	S	I	S	N		
P	A	S	P	G	G	R	G	S	T	G	R	G	H	R	S	A	T		
P	L	V	P	G	A	A	D	L	L	V	E	G	M	D	L	H	Q		

ACC	CTC	GTG	ACC	CGG	GCG	GCG	CAG	GTC	TTC	ATG	GAG	CGG	GTA	CAG	CTC	TAC	GAC		
		333				342				351				369			378		
TGG	GAG	CAC	TGG	GCC	CGC	CGC	GTC	CAG	AAG	TAC	CTC	GCC	CAT	GTC	GAG	ATG	CTG		

W	E	H	W	A	R	R	V	Q	K	Y	L	A	H	V	E	M	L		
G	S	T	G	P	A	A	S	R	S	T	S	P	M	S	R	C	C		
G	A	L	G	P	P	R	P	E	V	P	R	P	C	R	D	A	V		

E	G	S	S	N	M	M	P	P	P	T	L	R	L	D	W	L	N		
R	G	P	A	T	*	*	R	R	R	P	S	G	C	T	G	C	T		
E	G	R	L	Q	E	D	D	A	A	P	H	A	A	L	G	V	L		

AAG	AGG	GGC	CTC	GAC	AAG	TAG	TAG	CCG	CCG	CCC	CAC	TCG	GCG	TTC	AGG	GTG	TTC		
		387				396				405				423			432		
TTC	TCC	CCG	GAG	CTG	TTC	ATC	ATC	GGC	GGC	GGG	GTG	AGC	CGC	AAG	TCC	CAC	AAG		

F	S	P	E	L	F	I	I	G	G	G	V	S	R	K	S	H	K		
S	P	R	S	C	S	S	S	A	A	G	*	A	A	S	P	T	S		
L	P	G	A	V	H	H	R	R	R	G	E	P	Q	V	P	Q	V		

R	C	R	M	S	P	M	L	A	S	I	T	G	A	W	S	C	F		
G	A	G	*	R	P	C	*	P	P	S	R	G	P	G	A	A	S		
E	Q	V	E	D	L	A	D	L	R	L	D	D	R	G	L	Q	L		

AAG	GAC	GTG	GAG	TAG	CTC	CCG	TAG	TTC	CGC	CTC	TAG	CAG	GGC	CGG	GTC	GAC	GTC		
		441				450				459				477			486		
TTC	CTG	CAC	CTC	ATC	GAG	GGC	ATC	AAG	GCG	GAG	ATC	GTC	CCG	GCC	CAG	CTG	CAG		

F	L	H	L	I	E	G	I	K	A	E	I	V	P	A	Q	L	Q		
S	C	T	S	S	R	A	S	R	R	R	S	S	R	P	S	C	R		
P	A	P	H	R	G	H	Q	G	G	D	R	P	G	P	A	A	E		

L	A	P	I	T	P	A	A	I	R	A	A	S	F	S	P	*	A		
C	R	R	S	R	R	P	P	S	A	P	P	P	S	P	R	S	P		

V	V	G	P	D	D	P	R	R	H	P	R	R	L	L	V	A	L
TTG	TTG	CGG	CCC	TAG	CAG	CCC	CGC	CGC	TAC	GCC	CGC	CGC	CTC	TTC	CTG	CCG	ATC
		495			504			513		522			531			540	
AAC	AAC	GCC	GGG	ATC	GTC	GGG	GCG	GCG	ATG	CGG	GCG	GCG	GAG	AAG	GAC	GGC	TAG
N	N	A	G	I	V	G	A	A	M	R	A	A	E	K	D	G	*
T	T	P	G	S	S	G	R	R	C	G	R	R	R	R	T	A	R
Q	R	R	D	R	R	G	G	D	A	G	G	G	E	G	R	L	G
G	R	R	R	P	S	G	S	S	L	A	Q	R	R	D	G	P	G
G	A	V	G	P	H	D	L	R	C	P	R	A	A	T	V	Q	V
G	R	S	A	P	T	I	W	V	V	P	G	P	P	P	*	R	S
CGG	GGC	GCT	GCG	GCC	CCA	CTA	GGT	CTG	CTG	TCC	CGG	ACC	GCC	GCC	AGT	GGA	CCT
		549			558			567		576			585			594	
GCC	CCG	CGA	CGC	CGG	GGT	GAT	CCA	GAC	GAC	AGG	GCC	TGG	CGG	CGG	TCA	CCT	GGA
A	P	R	R	R	G	D	P	D	D	R	A	W	R	R	S	P	G
P	R	D	A	G	V	I	Q	T	T	G	P	G	G	G	H	L	D
P	A	T	P	G	*	S	R	R	Q	G	L	A	A	V	T	W	T
A	A	P	R	P	G	A	P	W	C	G	S	R	G	H	P	*	S
P	P	P	G	R	G	Q	P	G	A	A	P	D	E	T	R	D	R
R	R	R	A	A	A	R	R	A	L	L	R	I	K	R	A	T	V
GGC	CGC	CGC	CCG	GCG	CCG	GGA	CGC	CCG	GTC	GTC	GGC	CTA	GAA	GGC	ACG	CCA	GTG
		603			612			621		630			639			648	
CCG	GCG	GCG	GGC	CGC	GGC	CCT	GCG	GGC	CAG	CAG	CCG	GAT	CTT	CCG	TGC	GGT	CAC
P	A	A	G	R	G	P	A	G	Q	Q	P	D	L	P	C	G	H
R	R	R	A	A	A	L	R	A	S	S	R	I	F	R	A	V	T
G	G	G	P	R	P	C	G	P	A	A	G	S	S	V	R	S	R
S	V	P	S	*	R	G	E	T	C	G	G	P	R	P	P	S	P
H	S	R	R	D	A	D	R	R	V	A	V	R	G	P	H	R	P
I	L	G	A	I	L	T	G	G	Y	L	W	G	A	Q	T	A	L
CTA	CTC	TGG	CCG	CTA	GTC	GCA	GGG	AGG	CAT	GTC	GGT	GGG	CCG	GAC	CCA	CCG	CTC
		657			666			675		684			693			702	
GAT	GAG	ACC	GGC	GAT	CAG	CGT	CCC	TCC	GTA	CAG	CCA	CCC	GGC	CTG	GGT	GGC	GAG
D	E	T	G	D	Q	R	P	S	V	Q	P	P	G	L	G	G	E
M	R	P	A	I	S	V	P	P	Y	S	H	P	A	W	V	A	R
*	D	R	R	S	A	S	L	R	T	A	T	R	P	G	W	R	G
P	S	S	G	W	*	T	D	A	S	G	G	A	A	T	P	W	R
R	H	L	A	G	D	P	T	R	R	D	G	R	R	Q	R	G	G
A	T	F	L	G	M	L	H	G	G	I	G	G	G	S	D	A	V
CCG	CCA	CTT	CTC	GGG	GTA	GTC	CAC	AGG	CGG	CTA	GGG	GGG	CGG	CGA	CAG	CCG	GTG
		711			720			729		738			747			756	
GGC	GGT	GAA	GAG	CCC	CAT	CAG	GTG	TCC	GCC	GAT	CCC	CCC	GCC	GCT	GTC	GGC	CAC
G	G	E	E	P	H	Q	V	S	A	D	P	P	A	A	V	G	H
A	V	K	S	P	I	R	C	P	P	I	P	P	P	P	L	S	A
R	*	R	A	P	S	G	V	R	R	S	P	R	R	C	R	P	P

C W G W P S P S R Y W W R R P R W T
 A G A G R R L R D T G G G A R D G P
 P V L G V A F A I P V V V P A T A L

 GCC GTG GTC GGG GTG CCG CTT CCG CTA GCC ATG GTG GTG GCC GCG CCA GCG GTC
 765 774 783 792 801 810
 CGG CAC CAG CCC CAC GGC GAA GGC GAT CGG TAC CAC CAC CGG CGC GGT CGC CAG

 R H Q P H G E G D R Y H H R R G R Q
 G T S P T A K A I G T T T G A V A R
 A P A P R R R R S V P P P A R S P G

 A G A C G C R R * S A C P C S C C A
 R G Q A G V G G D P R V R A P V A R
 D G R R V W V A T L V C V P L F L V

 CAG CGG GGA CGC GTG GGT GTG GCG GCA GTC CTG CGT GTG CCC GTC CTT GTC GTG
 819 828 837 846 855 864
 GTC GCC CCT GCG CAC CCA CAC CGC CGT CAG GAC GCA CAC GGG CAG GAA CAG CAC

 V A P A H P H R R Q D A H G Q E Q H
 S P L R T H T A V R T H T G R N S T
 R P C A P T P P S G R T R A G T A R

 T C R S R R G S C C R T S T A S C S
 Q V A H A V V R V A A L R P L R A P
 S Y L T L S S G F L L S D L Y G L L

 CGA CAT GTC GCA CTC GCT GCT GGG CTT GTC GTC GCT CAG CTC CAT CGG CTC GTC
 873 882 891 900 909 918
 GCT GTA CAG CGT GAG CGA CGA CCC GAA CAG CAG CGA GTC GAG GTA GCC GAG CAG

 A V Q R E R R P E Q Q R V E V A E Q
 L Y S V S D D P N S S E S R * P S R
 C T A * A T T R T A A S R G S R A G

 C * P A A S C A A A W G P * G P T P
 A D R R R L V P R R G A R D A P P Q
 L M V A G C F L G G G L G T L R P N

 CTC GTA GTG CCG CGG CGT CTT GTC CGG CGG CGG GTC GGG CCA GTC GGC CCC CAA
 927 936 945 954 963 972
 GAG CAT CAC GGC GCC GCA GAA CAG GCC GCC GCC CAG CCC GGT CAG CCG GGG GTT

 E H H G A A E Q A A A Q P G Q P G V
 S I T A P Q N R P P P S P V S R G L
 A S R R R R T G R R P A R S A G G W

 F G A C P R P R P P R G P A G Y R R
 S V P A P G P G R P A A R P A T G G
 P F R R L A Q A A P P P G P R R V A

 CCC TTT GGC CGC GTC CCG GAC CCG GCG CCC CCC GCC GGG CCC GCG GGC ATG GCG
 981 990 999 1008 1017 1026
 GGG AAA CCG GCG CAG GGC CTG GGC CGC GGG GGG CGG CCC GGG GCG CCG TAC CGC

G K P A Q G L G R G G R P G A P Y R
 G N R R R A W A A G G G P G R R T A
 E T G A G P G P R G A A R G A V P P
 P R R P R V P R V L A A S P S P G P
 R A V P G C P G Y W P P A P P R A P
 A P S P A A R A T G P R R Q P V P R

 GCG CCC GCT GCC CCG GCG TGC CCG GCA TGG TCC CGC CGC GAC CCC CTG CCC GGC
 1035 1044 1053 1062 1071 1080
 CGC GGG CGA CGG GGC CGC ACG GGC CGT ACC AGG GCG GCG CTG GGG GAC GGG CCG

 R G R R G R T G R T R A A L G D G P
 A G D G A A R A V P G R R W G T G R
 R A T G P H G P Y Q G G A G G R A G
 P A P P G P R S P P G P P G P P G A
 H L P R A P V A P R A Q L V P R A L
 T S R A P R S P Q A P R S S R A P W

 CCA CCT CGC CCG CCC GGC CCT GCC GAC CCG CCC GGA CCT CCT GGC CCG CCC GGT
 1089 1098 1107 1116 1125 1134
 GGT GGA GCG GGC GGG CCG GGA CGG CTG GGC GGG CCT GGA GGA CCG GGC GGG CCA

 G G A G G P G R L G G P G G P G G P
 V E R A G R D G W A G L E D R A G Q
 W S G R A G T A G R A W R T G R A S
 T G A R V A G A A R S V A T A A R R
 R G P G S R E R R A R F R R R A G
 G D R G P G S G G R A F G G D G R A

 CGG CAG GGC CGG GCC TGG CGA GGG CGG CGC GCG CTT TGG CGG CAG CGG CGC GCG
 1143 1152 1161 1170 1179 1188
 GCC GTC CCG GCC CGG ACC GCT CCC GCC GCG CGC GAA ACC GCC GTC GCC GCG CGC

 A V P A R T A P A A R E T A V A A R
 P S R P G P L P P R A K P P S P R A
 R P G P D R S R R A R N R R R R A P
 V A G A Q F S D A G A E S C V T K V
 C R E R R S H T R E R R A A Y R R *
 A G S G G P I L G S G G R Q M G D E

 GCG TGG CGA GGG CGG ACC TTA CTC AGG CGA GGG CGG AGC GAC GTA TGG CAG AAG
 1197 1206 1215 1224 1233 1242
 CGC ACC GCT CCC GCC TGG AAT GAG TCC GCT CCC GCC TCG CTG CAT ACC GTC TTC

 R T A P A W N E S A P A S L H T V F
 A P L P P G M S P L P P R C I P S S
 H R S R L E * V R S R L A A Y R L H
 G G R V A A G A A L S V G G V G R R
 G A G C R R G R R S R C G A W G A G
 G R G A G G G G G R A V G R G G R A

 TGG GGC GGG GCG TGG CGG CGG GGG CGG CGC TCG CTG TGG GGC GGG TGG GGC GCG

1251	1260	1269	1278	1287	1296
ACC CCG CCC CGC	ACC GCC GCC CCC	GCC GCG AGC GAC	ACC CCG CCC ACC	CCG CGC	
T P P R	T A A P	A A S D	T P P T	P R	R
P R P A	P P P P	P R A T	P R P P	R A	A
P A P H	R R P R	R R E R	H P A H	P A P	P
R R R C	R R R R	L T D R	K T G P	L D	
G A V A	V A D A	Y R T A	S R V R	C T	
A Q S P	L P T P	T A H R	A E Y G	A P	
GCG GAC GCT GCC GTT GCC GCA GCC GCA TCG CAC AGC GCG AAG CAT GGG CCG TCC					
1305	1314	1323	1332	1341	1350
CGC CTG CGA CGG CAA CGG CGT CGG CGT AGC GTG TCG CGC TTC GTA CCC GGC AGG					
R L R R	Q R R R	S V S R	F V P G	R	
A C D G	N G V G	V A C R	A S Y P	A G	
P A T A	T A S A	* R V A	L R T R	Q V	
R G T H	S W Q V	L K P R	S I H R	I A	
A D Q T	A G S S	W S L D	A * T G	F R	
R T R H	P E V P	G V * T	P K H A	S D	
AGC GCA GGA CAC ACC GAG GTG ACC TGG TTG AAT CCA GCC GAA TAC ACG GCT TAG					
1359	1368	1377	1386	1395	1404
TCG CGT CCT GTG TGG CTC CAC TGG ACC AAC TTA GGT CGG CTT ATG TGC CGA ATC					
S R P V	W L H W	T N L G	R L M C	R I	
R V L C	G S T G	P T * V	G L C A	E S	
A S C V	A P L D	Q L R S	A Y V P	N R	
W * V R	R P A S	R P W T	N S V A	G P	
G D S V	G H P P	G Q G H	T R Y P	V P	
G M L C	A T P R	V K A M	H E I R	C R	
CGG GTA GTC TGT GCG GCA CCC CGC CTG GAA CCG GTA CAC AAG CTA TGC CGT GGC					
1413	1422	1431	1440	1449	1458
GCC CAT CAG ACA CGC CGT GGG GCG GAC CTT GGC CAT GTG TTC GAT ACG GCA CCG					
A H Q T	R R G A	D L G H	V F D T	A P	
P I R H	A V G R	T L A M	C S I R	H R	
P S D T	P W G G	P W P C	V R Y G	T G	
G P G A	R R L S	T S R G	T R R C	* R	
A P D P	V G Y V	P P D A	R A D A	D D	
P R T R	C A T S	Q H I P	G H T Q	M M	
CCC GGC CCA GGC CGT GCG GCA TCT GAC CAC CTA GCC GGG CAC GCA GAC GTA GTA					
1467	1476	1485	1494	1503	1512
GGG CCG GGT CCG GCA CGC CGT AGA CTG GTG GAT CGG CCC GTG CGT CTG CAT CAT					
G P G P	A R R R	L V D R	P V R L	H H	
G R V R	H A V D	W W I G	P C V C	I I	
A G S G	T P * T	G G S A	R A S A	S S	
C R L D	F F S R	A G A W	G A R F	D E	
A G F I	S S P G	P G L G	A L G S	T R	

Q V S S R L L V P G W G L W G Q L G
 GAC GTG GCT TCT AGC TTC TTC CTG GCC CGG GGT CGG GTC GGT CGG GAC TTC AGG
 1521 1530 1539 1548 1557 1566
 CTG CAC CGA AGA TCG AAG AAG GAC CGG GCC CCA GCC CAG CCA GCC CTG AAG TCC
 L H R R S K K D R A P A Q P A L K S
 C T E D R R R T G P Q P S Q P * S P
 A P K I E E G P G P S P A S P E V L
 * T R S T A V H R E R D S D D T Q R
 E R V P L R L T D S V I P I T P R G
 R V Y P F D C R T A * S R F R R D A
 AGA GTG CAT GCC CTT CAG CGT TGC ACA GCG AGT GCT AGC CTT AGC AGC CAG ACG
 1575 1584 1593 1602 1611 1620
 TCT CAC GTA CGG GAA GTC GCA ACG TGT CGC TCA CGA TCG GAA TCG TCG GTC TGC
 S H V R E V A T C R S R S E S S V C
 L T Y G K S Q R V A H D R N R R S A
 S R T G S R N (V) S L T I G I V G L P X1
 I D A L R G Q E V G Q G L V V H Q R
 F T P L D V R N L A R V L F S T S A
 S H R C T S G T * R G S W S R R A P
 GCT TAC AGC CGT TCA GCT GGG ACA AGT TGC GGG ACT GGT TCT TGC TGC ACG ACC
 1629 1638 1647 1656 1665 1674
 CGA ATG TCG GCA AGT CGA CCC TGT TCA ACG CCC TGA CCA AGA ACG ACG TGC TGG
 R M S A S R P C S T P * P R T T C W
 E C R Q V D P V Q R P D Q E R R A G
 N V G K S T L F N A L T K N D V L A
 G V V R E G R D L G V D T D H A D G
 A L * G N A V I S G L T P T T P T G
 P W S G T R W S R A W R R H R P R G
 GCC GGT TGA TGG GCA AGC GGT GCT AGC TCG GGT TGC AGC CAC AGC ACC CGC AGG
 1683 1692 1701 1710 1719 1728
 GG CCA ACT ACC CGT TCG CCA CGA TCG AGC CCA ACG TCG GTG TCG TGG GCG TCC
 R P T T R S P R S S P T S V S W A S
 G Q L P V R H D R A Q R R C R G R P
 A N Y P F A T I E P N V G V V G V P
 V C A E G L Q G L D E G G L A D E R
 S A R R V L N A S I K E E W R M R G
 R R V G * W T P R S R R R G A C G G
 GGC TGC GTG CGG AGT GGT TCA ACC GGC TCT AGA AGA GGA GGG TCG CGT AGG AGG
 1737 1746 1755 1764 1773 1782
 CCG ACG CAC GCC TCA CCA AGT TGG CCG AGA TCT TCT CCT CCC AGC GCA TCC TCC
 P T H A S P S W P R S S P P S A S S
 R R T P H Q V G R D L L L P A H P P
 D A R L T K L A E I F S S Q R I L P

R G D V E D V D G A D H A A G G L P
A V T S K T S M A P M T R P A E S P
P S R R S R R C R R C R A R R R R P

GCC GCT GGC AGC TGA AGC AGC TGT AGC GGC CGT AGC ACG CGC CGC GGA GGC TCC
1791 1800 1809 1818 1827 1836
CGG CGA CCG TCG ACT TCG TCG ACA TCG CCG GCA TCG TGC GCG GCG CCT CCG AGG

R R P S T S S T S P A S C A A P P R
G D R R L R R H R R H R A R R L R G
A T V D F V D I A G I V R G A S E G

L A Q A V L E E R V D T L G V R D A
S P R P L L N R A F M R S D S A I Q
P P G P C C T G R S C G H T R R S R

CCC TCC CGG ACC CGT TGT TCA AGG AGC GCT TGT AGG CAC TCA GGC TGC GCT AGA
1845 1854 1863 1872 1881 1890
GGG AGG GCC TGG GCA ACA AGT TCC TCG CGA ACA TCC GTG AGT CCG ACG CGA TCT

G R A W A T S S S R T S V S P T R S
G G P G Q Q V P R E H P * V R R D L
E G L G N K F L A N I R E S D A I C

L D D A G E L V L V D D M D V A L D
W T M R A K L S S F T T W T S P L T
G P * G R R * P R S R R G H R R C P

CGG TCC AGT AGG CGC GGA AGT TCC TGC TCT TGC AGC AGG TAC AGC TGC CGT TCC
1899 1908 1917 1926 1935 1944
GCC AGG TCA TCC GCG CCT TCA AGG ACG AGA ACG TCG TCC ATG TCG ACG GCA AGG

A R S S A P S R T R T S S M S T A R
P G H P R L Q G R E R R P C R R Q G
Q V I R A F K D E N V V H V D G K V

R G L V V D L R D V G L Q D E R V E
E G L S S M S V I L V S S I R A S R
R A W P R C R S S * C R A S G R P G

AGA GCG GGT TCC TGC TGT AGC TCT GCT AGT TGT GGC TCG ACT AGG AGC GCC TGG
1953 1962 1971 1980 1989 1998
TCT CGC CCA AGG ACG ACA TCG AGA CGA TCA ACA CCG AGC TGA TCC TCG CGG ACC

S R P R T T S R R S T P S * S S R T
L A Q G R H R D D Q H R A D P R G P
S P K D D I E T I N T E L I L A D L

L R D L L D Q G A E L L V R P D L L
W V I S F T R G R R W F S E R I L F
G S S R S P G A G G G S P S A S * S

AGG TCT GCT AGC TCT TCC AGG ACG GGG CGG AGG TCT TCC TGA GCG CCT AGT TCT
2007 2016 2025 2034 2043 2052
TCC AGA CGA TCG AGA AGG TCC TGC CCC GCC TCC AGA AGG ACT CGC GGA TCA AGA

S R R S R R S C P A S R R T R G S R
 P D D R E G P A P P P E G L A D Q E
 Q T I E K V L P R L Q K D S R I K K

 V E R R L H L G D L L G L L D Q L P
 S R A G F T F A T S S A L S I R S L
 P G R A S P S P R R P P W P S G P S

 TCC TGG AGC GCG GCT TCC ACT TCC GGC AGC TCC TCC GGT TCC TCT AGG ACC TCT
 2061 2070 2079 2088 2097 2106
 AGG ACC TCG CGC CGA AGG TGA AGG CCG TCG AGG AGG CCA AGG AGA TCC TGG AGA

 R T S R R R * R P S R R P R R S W R
 G P R A E G E G R R G G Q G D P G E
 D L A P K V K A V E E A K E I L E R

 A V G E E G V A D D L A G L A V L E
 P S V R K A W P M T W P V S R L S S
 P R C G R R G R C R G P C R A C R A

 CCC CGC TGT GGG AGA AGC GGG TGC CGT AGC AGG TCC CGT GGC TCG CGT TGC TCG
 2115 2124 2133 2142 2151 2160
 GGG GCG ACA CCC TCT TCG CCC ACG GCA TCG TCC AGG GCA CCG AGC GCA ACG AGC

 G A T P S S P T A S S R A P S A T S
 G R H P L R P R H R P G H R A Q R A
 G D T L F A H G I V Q G T E R N E L

 Q V V Q V Q E G G L G E E V D E V D
 R C S R C R S V V L G K R * T K L T
 G A R G A G A * W W A R G R R * R

 AGG ACG TGC TGG ACG TGG ACG AGT GGT GGT TCG GGA AGG AGA TGC AGA AGT TGC
 2169 2178 2187 2196 2205 2214
 TCC TGC ACG ACC TGC ACC TGC TCA CCA CCA AGC CCT TCC TCT ACG TCT TCA ACG

 S C T T C T C S P P S P S S T S S T
 P A R P A P A H H Q A L P L R L Q R
 L H D L H L L T T K P F L Y V F N V

 V L V L Q D V L V E L V L L A G Q D
 S S S S S I S S S K L F S C R A R T
 R R P R A S R R P S * S R A A R G P

 AGC TGC TCC TGC TCG ACT AGC TGC TCC TGA AGT TCT TGC TCG TCG CGC GGC ACC
 2223 2232 2241 2250 2259 2268
 TCG ACG AGG ACG AGC TGA TCG ACG AGG ACT TCA AGA ACG AGC AGC GCG CCC TGG

 S T R T S * S T R T S R T S S A P W
 R R G R A D R R G L Q E R A A R P G
 D E D E L I D E D F K N E Q R A L V

 G G G L G D E E V G L Q L G V E G L
 A G A S A M K R L A L S S A S R A S
 R G R R P W R G * R W A P P R G R R

 AGC GGG GGC GGC TCC GGT AGA AGG AGT TGC GGT TCG ACC TCC GGC TGG AGC GGC

2277 2286 2295 2304 2313 2322
 TCG CCC CCG CCG AGG CCA TCT TCC TCA ACG CCA AGC TGG AGG CCG ACC TCG CCG

 S P P P R P S S T P S W R P T S P
 R P R R G H L P Q R Q A G G R P R R
 A P A E A I F L N A K L E A D L A E

 E V V V L G E F E E L G D A L V L G
 S S S S S A R S S R W D T P W S S G
 A R R R R P G R V G G T R R G P R A

 TCG AGC TGC TGC TGC TCC GGG AGC TTG AGG AGG TCA GGC AGC CCG TCC TGC TCG
 2331 2340 2349 2358 2367 2376
 AGC TCG ACG ACG ACG AGG CCC TCG AAC TCC TCC AGT CCG TCG GCC AGG ACG AGC

 S S T T T R P S N S S S P S A R T S
 A R R R R G P R T P P V R R P G R A
 L D D D E A L E L L Q S V G Q D E P

 A E G G E G A D A E V G E A Q L G V
 P R A V R A R T P K L V R P R C V *
 R G R W G R G R R S * C G R G A S R

 GGC CCG AGC GGT GGG AGC GGG CGC AGC CGA AGT TGT GGG AGC CCG ACG TCT GGA
 2385 2394 2403 2412 2421 2430
 CCG GCC TCG CCA CCC TCG CCC GCG TCG GCT TCA ACA CCC TCG GCC TGC AGA CCT

 P A S P P S P A S A S T P S A C R P
 R P R H P R P R R L Q H P R P A D L
 G L A T L A R V G F N T L G L Q T Y

 Q R G A R L F G A G P G D L L A G G
 R V A P G F S D R A Q V M L F P A V
 G S P R G S P I G R R S W * S P R W

 TGG ACT GCC GGC CCG GCT TCC TTA GGG CGC GGA CCT GGT AGT TCT TCC CGC GGT
 2439 2448 2457 2466 2475 2484
 ACC TGA CCG CCG GCC CGA AGG AAT CCC GCG CCT GGA CCA TCA AGA AGG GCG CCA

 T * R P A R R N P A P G P S R R A P
 P D G R P E G I P R L D H Q E G R H
 L T A G P K E S R A W T I K K G A T

 G G L G G A D D V G V E L L A E D L
 A G S A A P T M W V S K W F P K M L
 R G R P R R R * G C R S G S P S * *

 GGC GGG GGC TCC GGC GGC CGC AGT AGG TGT GGC TGA AGG TCT TCC CGA AGT AGT
 2493 2502 2511 2520 2529 2538
 CCG CCC CCG AGG CCG CCG GCG TCA TCC ACA CCG ACT TCC AGA AGG GCT TCA TCA

 P P P R P P A S S T P T S R R A S S
 R P R G R R R H P H R L P E G L H Q
 A P E A A G V I H T D F Q K G F I K

 R L D D G E G V Q H L G A G D G L G
 A S T M E K V S R T S V P E T A S A

P P P * R R * R G P P S R S R R P
TCC GCC TCC AGT AGA GGA AGT GGC TGG ACC ACC TCT GGC CGA GGC AGC GGC TCC
2547 2556 2565 2574 2583 2592
AGG CGG AGG TCA TCT CCT TCA CCG ACC TGG TGG AGA CCG GCT CCG TCG CCG AGG
R R R S S P S P T W W R P A P S P R
G G G H L L H R P G G D R L R R R G
A E V I S F T D L V E T G S V A E A
A R L P L R T H L A L V I H H L V P
R A F P F A R I S P L S * T I C S P
G R S P S P A Y P P C P S H S A P R
GGG CGC GCT TCC CCT TCC GCG CAT ACC TCC CGT TCC TGA TAC ACT ACG TCC TGC
2601 2610 2619 2628 2637 2646
CCC GCG CGA AGG GGA AGG CGC GTA TGG AGG GCA AGG ACT ATG TGA TGC AGG ACG
P A R R G R R V W R A R T M * C R T
P R E G E G A Y G G Q G L C D A G R
R A K G K A R M E G K D Y V M Q D G
V H D L E A E V H L R L E V V V S S
S T T S N R K L T Y A C N W W S A A
P R P R T G S * R T P A I G G R R Q
CCC TGC ACC AGC TCA AGG CGA AGT TGC ACA TCC GCG TTA AGG TGG TGC TGC GAC
2655 2664 2673 2682 2691 2700
GGG ACG TGG TCG AGT TCC GCT TCA ACG TGT AGG CGC AAT TCC ACC ACG ACG CTG
G T W S S S A S T C R R N S T T T L
G R G R V P L Q R V G A I P P R R C
D V V E F R F N V * A Q F H H D A A
E F A C T L L P R S R W P A A G Q Q
K L R A P * F P D V G G P P P G K S
K * V R L D S P T S E E L P R G R A
GAA AGT TTG CGC GTC CAG TCT TCC CCA GCT GAG GAG GTC CCC CGC CGG GGA ACG
2709 2718 2727 2736 2745 2754
TTT TCA AAC GCG CAG GTC AGA AGG GGT CGA CTC CTC CAG GGG GCG GCC CCT TGC
L S N A Q V R R G R L L Q G A A P C
F Q T R R S E G V D S S R G R P L A
F K R A G Q K G S T P P G G G P L L
K G H Q S P A P F A S * G D T K A R
N G T S P H H Q S L Q D D M L R Q G
T E R A P I T S P F S I M W * D K G
ACA AAG GGC ACG ACC CTA CCA CGA CCC TTT CGA CTA GTA GGT AGT CAG AAA CGG
2763 2772 2781 2790 2799 2808
TGT TTC CCG TGC TGG GAT GGT GCT GGG AAA GCT GAT CAT CCA TCA GTC TTT GCC
C F P C W D G A G K A D H P S V F A
V S R A G M V L G K L I I H Q S L P
F P V L G W C W E S * S S I S L C P

G S S T L L P V N N P V V Q P F P D
 A P P H * S H Y T I L Y W K L S P T
 Q R L I D L T T R * * T G S S P L P

 GAC GGC CTC CTA CAG TTC TCA CCA TGC AAT AAT CCA TGG TGA ACT CCC TTC CCC
 2817 2826 2835 2844 2853 2862
 CTG CCG GAG GAT GTC AAG AGT GGT ACG TTA TTA GGT ACC ACT TGA GGG AAG GGG

 L P E D V K S G T L L G T T * G K G
 C R R M S R V V R Y * V P L E G R G
 A G G C Q E W Y V I R Y H L R E G V

 F * T S L G R A F G C P E R E A S *
 S D H R Y V A L S A A L S E K R Q D
 R I M D I F R S R L R L A R K G S I

 AGC TTA GTA CAG CTA TTT GGC GCT CGC TTC GGC GTT CCG AGA GAA AGG CGA CTA
 2871 2880 2889 2898 2907 2916
 TCG AAT CAT GTC GAT AAA CCG CGA GCG AAG CCG CAA GGC TCT CTT TCC GCT GAT

 S N H V D K P R A K P Q G S L S A D
 R I (M) S I N R E R S R K A L F P L I X2
 E S C R * T A S E A A R L S F R * S

 S P * R C D R P W R S R R W A R C R
 L L D V V I V L G D L D D G L V A V
 L F T L S L * S A M S I T E L C P L

 GTT CTT CCA GTT GCT GTT AGT GCT CCG GTA GCT CTA GCA GAG GTT CGT GCC GTT
 2925 2934 2943 2952 2961 2970
 CAA GAA GGT CAA CGA CAA TCA CGA GGC CAT CGA GAT CGT CTC CAA GCA CGG CAA

 Q E G Q R Q S R G H R D R L Q A R Q
 K K V N D N H E A I E I V S K H G N
 R R S T T I T R P S R S S P S T A T

 R V R R P R P N H L A A R P S T G A
 G Y E D R G L I I C R Q A L A R V Q
 A T S T E A S S * A A S R S P E Y R

 GCG GCA TGA GCA GAG CCG GCT CCT AAT ACG TCG CGA CGC GCT CCC GAG CAT GGA
 2979 2988 2997 3006 3015 3024
 CGC CGT ACT CGT CTC GGC CGA GGA TTA TGC AGC GCT GCG CGA GGG CTC GTA CCT

 R R T R L G R G L C S A A R G L V P
 A V L V S A E D Y A A L R E G S Y L
 P Y S S R P R I M Q R C A R A R T C

 A S E P S R G D V A * P T R S R G Q
 Q A R R R V G T S Q E L R V L V G K
 S R E G A F A R R S S L A Y S F A R

 CGA CGC GAG AGG CCG CTT GCG GGC AGC TGA CGA GTT CCG CAT GCT CTT GCG GGA
 3033 3042 3051 3060 3069 3078
 GCT GCG CTC TCC GGC GAA CGC CCG TCG ACT GCT CAA GGC GTA CGA GAA CGC CCT

A A L S G E R P S T A Q G V R E R P
L R S P A N A R R L L K A Y E N A L
C A L R R T P V D C S R R T R T P L

G R * H T P A P A S R D P N P P R Q
G V D I H R L P L Q D I R I R R V S
A W T L T D S R S S I S G S E A S A

ACG GGT GCA GTT ACA CAG CCT CGC CCT CGA CTA GCT AGG CCT AAG CCG CCT GCG
3087 3096 3105 3114 3123 3132

TGC CCA CGT CAA TGT GTC GGA GCG GGA GCT GAT CGA TCC GGA TTC GGC GGA CGC

C P R Q C V G A G A D R S G F G G R
A H V N V S E R E L I D P D S A D A
P T S M C R S G S * S I R I R R T L

N P H R T L S T K S S * P Q S S * V
T R T G R S A Q R R P D P S P H S C
P E P A A H P K D E L I L A P I V V

ACC AAG CCC ACG GCG CAC TCC GAA CAG AAG CTC CTA GTC CCG ACC CTA CTG ATG
3141 3150 3159 3168 3177 3186

TTC GGG TGC CGC GTG AGG CTT GTC TTC GAG GAT CAG GGC TGG GAT GAC TAC

W F G C R (V) R L V F E D Q G W D D Y x3
G S G A A * G L S S R I R A G M T T
V R V P R E A C L R G S G L G * L H

D Q S L F S R L I S A R M L L S M S
T R A * S R G C S A R G C * C A * R
R G P E L V V A L H E G A D V L E D

TGC AGG ACC GAG TTC TTG CTG GCG TTC TAC GAG CGG GCG TAG TTG TTC GAG TAG
3195 3204 3213 3222 3231 3240

ACG TCC TGG CTC AAG AAC GAC CGC AAG ATG CTC GCC CGC ATC AAC AAG CTC ATC

T S W L K N D R K M L A R I N K L I
R P G S R T T A R C S P A S T S S S
V L A Q E R P Q D A R P H Q Q A H R

S T L R S G K V P I P L G S G S F Y
P R * A R G R * P S R C V R A A S T
L V D P A V G E R P D A F G L R Q L

CTC CTG CAG TCC GCG CTG GGG AAG TGC CCC TAG CCG TTT GGG CTC GGC GAC TTC
3249 3258 3267 3276 3285 3294

GAG GAC GTC AGG CGC GAC CCC TTC ACG GGG ATC GGC AAA CCC GAG CCG CTG AAG

E D V R R D P F T G I G K P E P L K
R T S G A T P S R G S A N P S R * S
G R Q A R P L H G D R Q T R A A E V

W K G P A H D R R I S S S C R R T Y
G S A P P T T A A S R R R V G G R T
V V Q R P R P R P P D V V F V A E H

ATG GTG AAC GGC CCC CGC ACC AGC GCC GCC TAG CTG CTG CTT GTG GCG GAG CAC

3303 3312 3321 3330 3339 3348
 TAC CAC TTG CCG GGG GCG TGG TCG CGG CGG ATC GAC GAC GAA CAC CGC CTC GTG

 Y H L P G A W S R R I D D E H R L V
 T T C R G R G R G S T T N T A S C
 P L A G G V V A A D R R R T P P R V

 R T V S L S I T I R A A R Y W * Q S
 G P * P C P S R S G R Q G T G S S V
 V Q N R V L L D H D E S G P V V V S

 ATG GAC CAA TGC CTG TTC CTC TAG CAC TAG GAG CGA CGG GCC ATG GTG ATG ACT
 3357 3366 3375 3384 3393 3402
 TAC CTG GTT ACG GAC AAG GAG ATC GTG ATC CTC GCT GCC CGG TAC CAC TAC TGA

 Y L V T D K E I V I L A A R Y H Y *
 T W L R T R R S * S S L P G T T T D
 P G Y G Q G D R D P R C P V P L L T

 G L H D E R A P I T S P H A G R V R
 A W T T R G H Q S P A P I P G E F G
 Q G P P G G T S P H H Q S P G R S G

 GAC GGG TCC ACC AGG AGG GCA CGA CCC TAC CAC GAC CCT ACC CGG GGA GCT TGG
 3411 3420 3429 3438 3447 3456
 CTG CCC AGG TGG TCC TCC CGT GCT GGG ATG GTG CTG GGA TGG GCC CCT CGA ACC

 L P R W S S R A G M V L G W A P R T
 C P G G P P V L G W C W D G P L E P
 A Q V V L P C W D G A G M G P S N P

 H K R L H S S Q L * H E A E V N L R
 I N G C T P A R Y N I N R K L T * A
 S T E A P P L E T T L T G S * R K P

 GCT ACA AAG GCG TCC ACC CTC GAG ACA TCA ATT ACA AGG CGA AGT TGC AAA TCC
 3465 3474 3483 3492 3501 3510
 CGA TGT TTC CGC AGG TGG GAG CTC TGT AGT TAA TGT TCC GCT TCA ACG TTT AGG

 R C F R R W E L C S * C S A S T F R
 D V S A G G S S V V N V P L Q R L G
 M F P Q V G A L * L M F R F N V * A

 L D V V D D Q Q I R L D S P D S E D
 C I W W T T K N F A C T L P T R S M
 A S G G R R R T S H A P * L P G V *

 GCG TCT AGG TGG TGC AGC AGA ACA ACT TAC GCG TCC AGT CTC CCC AGG CTG AGT
 3519 3528 3537 3546 3555 3564
 CGC AGA TCC ACC ACG TCG TCT TGT TGA ATG CGC AGG TCA GAG GGG TCC GAC TCA

 R R S T T S S C * M R R S E G S D S
 A D P P R R L V E C A G Q R G P T H
 Q I H H V V L L N A Q V R G V R L I

 S D P G Q S K G T G G A S Q S N S L
 P T P G R A R E R A E P L S P T A *

R L R A G P E K G H R R C V P L Q E

 AGC CTC AGC CCG GGG ACC GAG AAA GGG CAC GGA GGC CGT CTG ACC CTC AAC GAG
 3573 3582 3591 3600 3609 3618
 TCG GAG TCG GGC CCC TGG CTC TTT CCC GTG CCT CCG GCA GAC TGG GAG TTG CTC

 S E S G P W L F P V P P A D W E L L
 R S R A P G S F P C L R Q T G S C S
 G V G P L A L S R A S G R L G V A Q

 * * R G I P C Y P G T W L A L A S W
 D D G A S R A T P G Q G S R W R P G
 T M V Q R D P L L A R D L A G A R V

 TCA GTA GTG GAC GGC TAG CCC GTC ATC CCG GGA CAG GTC TCG CGG TCG CGC CTG
 3627 3636 3645 3654 3663 3672
 AGT CAT CAC CTG CCG ATC GGG CAG TAG GGC CCT GTC CAG AGC GCC AGC GCG GAC

 S H H L P I G Q * G P V Q S A S A D
 V I T C R S G S R A L S R A P A R T
 S S P A D R A V G P C P E R Q R G P

 N S P I M Q R D T G T L I E A D A H
 T P L S * R A T R V P S S R P T P T
 L Q F P D D P P G Y R H P D R R R R

 GTC AAC CTT CCC TAG TAG ACC GCC AGG CAT GGC CAC TCC TAG AGC CGC AGC CGC
 3681 3690 3699 3708 3717 3726
 CAG TTG GAA GGG ATC ATC TGG CGG TCC GTA CCG GTG AGG ATC TCG GCG TCG GCG

 Q L E G I I W R S V P V R I S A S A
 S W K G S S G G P Y R * G S R R R R
 V G R D H L A V R T G E D L G V G V

 T G F R A L T F C H A G G S F C F E
 P A S A P W P S A T P A A P S A S S
 P H R L P G P H L L P R R R L L L V

 ACC CAC GGC TTC GCC CGG TCC CAC TTC GTC ACC CGC GGC GGC CTC TTC GTC TTG
 3735 3744 3753 3762 3771 3780
 TGG GTG CCG AAG CGG GCC AGG GTG AAG CAG TGG GCG CCG CCG GAG AAG CAG AAC

 W V P K R A R V K Q W A P P E K Q N
 G C R S G P G * S S G R R R R S R T
 G A E A G Q G E A V G A A G E A E L

 S A P P L D G I R E R F T A R R G V
 A P R P C T A S A N A S R P A D A *
 R Q G P A P R R H T R P V H R T P R

 AGC GAC CGG CCC CCG TCC AGC GGC TAC GCA AGC GCC TTG CAC CGC GCA GCC GGA
 3789 3798 3807 3816 3825 3834
 TCG CTG GCC GGG GGC AGG TCG CCG ATG CGT TCG CGG AAC GTG GCG CGT CGG CCT

 S L A G G R S P M R S R N V A R R P
 R W P G A G R R C V R G T W R V G L
 A G R G Q V A D A F A E R G A S A Y

G I L W A A T L R S R W E Y G L L A
 A S * G P P P S A H A G S T A S S P
 R R D A L R R H P T L A V R L R P P

 TGC GGC TAG TCG GTC CGC CGC CAC TCC GCA CTC GCG GTG AGC ATC GGC TCC TCC
 3843 3852 3861 3870 3879 3888
 ACG CCG ATC AGC CAG GCG GCG GTG AGG CGT GAG CGC CAC TCG TAG CCG AGG AGG

 T P I S Q A A V R R E R H S * P R R
 R R S A R R R * G V S A T R S R G G
 A D Q P G G G E A * A P L V A E E G

 E W E A H T I T A A D D I L H R T F
 R G S P M P S R P Q T T S S T V P S
 G G V R C P H D H S R R R H P S P H

 CGG AGG GTG AGC CGT ACC CAC TAG CAC CGA CGC AGC AGC TAC TCC ACT GCC CAC
 3897 3906 3915 3924 3933 3942
 GCC TCC CAC TCG GCA TGG GTG ATC GTG GCT GCG TCG TCG ATG AGG TGA CGG GTG

 A S H S A W V I V A A S S M R * R V
 P P T R H G * S W L R R R * G D G *
 L P L G M G D R G C V V D E V T G E

 R E A H P W G P R L V R G S K L D R
 A N P T P G G P G C S A V A K * T A
 L T R R P A V R A A P R S R K E P R

 TTC GCA AGC CGC ACC CCG GTG GGC CCG GCG TCC TGC GCT GGC GAA AAG TCC AGC
 3951 3960 3969 3978 3987 3996
 AAG CGT TCG GCG TGG GGC CAC CCG GGC CGC AGG ACG CGA CCG CTT TTC AGG TCG

 K R S A W G H P G R R T R P L F R S
 S V R R G A T R A A G R D R F S G R
 A F G V G P P G P Q D A T A F Q V A

 C R P R D S D K S T V Y R E I V Y G
 A A R A T R T R A R * T A S S * T A
 P L A P P G L G Q E D R L A R D R L

 GCC GTC GCG CCC GCC AGG CTC AGG AAC GAG CAG TGC ATC GCG AGC TAG TGC ATC
 4005 4014 4023 4032 4041 4050
 CGG CAG CGC GGG CGG TCC GAG TCC TTG CTC GTC ACG TAG CGC TCG ATC ACG TAG

 R Q R G R S E S L L V T * R S I T *
 G S A G G P S P C S S R S A R S R S
 A A R A V R V L A R H V A L D H V A

 Y G S E E S H Q F P M P W R E P Y L
 T A A R R P T S S R C R G G R R T C
 R L R E G R L A P V A D A V E G P V

 GGC ATC GGC GAG AGG AGC CTC ACG ACC TTG CCG TAG CCG GTG GAG AGG CCC ATG
 4059 4068 4077 4086 4095 4104
 CCG TAG CCG CTC TCC TCG GAG TGC TGG AAC GGC ATC GGC CAC CTC TCC GGG TAC

P * P L S S E C W N G I G H L S G Y
 R S R S P R S A G T A S A T S P G T
 V A A L L G V L E R H R P P L R V Q

 D T R D I W T P A V F I S G G V P A
 I P V T S G P P P S S S A A A S P P
 S R Y P R D L H P R R L H Q R R R P

 TCT AGC CAT GCC AGC TAG GTC CAC CCC CGC TGC TTC TAC GAC GGC GGC TGC CCC
 4113 4122 4131 4140 4149 4158
 AGA TCG GTA CGG TCG ATC CAG GTG GGG GCG ACG AAG ATG CTG CCG CCG ACG GGG

 R S V R S I Q V G A T K M L P P T G
 D R Y G R S R W G R R R C C R R R G
 I G T V D P G G G D E D A A A D G G

 E S A E L L S W T H S E E V L H E W
 K P P K W C P G P T P S K S W T N G
 S R L S G A P V L H P V R R G P T G

 CGA AGC CTC CGA AGG TCG TCC CTG GTC CAC ACC CTG AGA AGC TGG TCC ACA AGG
 4167 4176 4185 4194 4203 4212
 T TCG GAG GCT TCC AGC AGG GAC CAG GTG TGG GAC TCT TCG ACC AGG TGT TCC

 A S E A S S R D Q V W D S S T R C S
 L R R L P A G T R C G T L R P G V P
 F G G F Q Q G P G V G L F D Q V F P

 P A S W D L E W D L G T G S I G Y T
 P R A G T S N G T W A P A P S A T R
 L A R E L R T G L G P R H R L H R V

 GTC CCG CGC GAG GTC AGC TCA AGG GTC AGG TCC GGC CAC GGC CTC TAC GGC ATG
 4221 4230 4239 4248 4257 4266
 CAG GGC GCG CTC CAG TCG AGT TCC CAG TCC AGG CCG GTG CCG GAG ATG CCG TAC

 Q G A L Q S S S Q S R P V P E M P Y
 R A R S S R V P S P G R C R R C R T
 G R A P V E F P V Q A G A G D A V R

 R D A D V R W F R S H L I (V) Q A H D
 A T P T W G G S G P T S S * K P T T X4
 H P R R G G A L V P L P P D S P R P

 CAC GCC AGC CGC AGG TGG GCG GTC TTG GCC CTC ACC TCC TAG TGA ACC CGC ACC
 4275 4284 4293 4302 4311 4320
 GTG CCG TCG GCG TCC ACC CGC CAG AAC CGG GAG TGG AGG ATC ACT TGG GCG TGG

 V R S A S T R Q N R E W R I T W A W
 C G R R P P A R T G S G G S L G R G
 A V G V H P P E P G V E D H L G V V

 A L D N I I E T F H A P A S N P * P
 P W T T S S R P S T P P R R T R D P
 R G P R Q H D R H L P R A G L E T L

 AGC CGG TCC AGC AAC TAC TAG AGC CAC TTC ACC CGC CCG CGG CTC AAG CCA GTC

4329 4338 4347 4356 4365 4374
 TCG GCC AGG TCG TTG ATG ATC TCG GTG AAG TGG GCG GGC GCC GAG TTC GGT CAG

 S A R S L M I S V K W A G A E F G Q
 R P G R * * S R * S G R A P S S V R
 G Q V V D D L G E V G G R R V R S G

 G A G M G Q R Q P R * R G A P R D P
 G R A W E R V S P D D A D L L A I L
 A G R G N G S A P T T L T W C P S *

 CCG GGG CGC GGG TAA GGG ACT GCG ACC CCA GCA GTC GCA GGT CGT CCC GCT AGT
 4383 4392 4401 4410 4419 4428
 GGC CCC GCG CCC ATT CCC TGA CGC TGG GGT CGT CAG CGT CCA GCA GGG CGA TCA

 G P A P I P * R W G R Q R P A G R S
 A P R P F P D A G V V S V Q Q G D Q
 P R A H S L T L G S S A S S R A I R

 R P L L T P R S G R R L G R H R D A
 A P C C R P D A V E E F V E I A T L
 P P A A A H T Q * R K S S R S P P *

 CCC GCC CCG TCG TCG CAC CCA GAC GAT GGA GAA GCT TCT GGA GCT ACC GCC AGT
 4437 4446 4455 4464 4473 4482
 GGG CGG GGC AGC AGC GTG GGT CTG CTA CCT CTT CGA AGA CCT CGA TGG CGG TCA

 G R G S S V G L L P L R R P R W R S
 G G A A A W V C Y L F E D L D G G Q
 A G Q Q R G S A T S S K T S M A V S

 P R L Q G P Y A A R R H D Y P N R *
 R G F S G L T P L G G I I T L I A D
 G A S A A W P L C G A S S R L S Q T

 CGG CCG GCT TCG ACG GGT CCC ATC CGT CGG GCG GCT ACT AGC ATT CCT AAC GCA
 4491 4500 4509 4518 4527 4536
 GCC GGC CGA AGC TGC CCA GGG TAG GCA GCC CGC CGA TGA TCG TAA GGA TTG CGT

 A G R S C P G * A A R R * S * G L R
 P A E A A Q G R Q P A D D R K D C V
 R P K L P R V G S P P M I V R I A S

 S R H R G A A R P R R I L R R R R R
 R G I D V L Q A R A A Y S A D D D G
 V V S T S W S R A P P T H P T T T A

 GTG CTG GCT ACA GCT GGT CGA CGC GCG CCC GCC GCA TAC TCC GCA GCA GCA GCG
 4545 4554 4563 4572 4581 4590
 CAC GAC CGA TGT CGA CCA GCT GCG CGC GGG CGG CGT ATG AGG CGT CGT CGT CGC

 H D R C R P A A R G R R M R R R R R
 T T D V D Q L R A G G V * G V V V A
 R P M S T S C A R A A Y E A S S S P

 R A A P R P D R H P P D H H A P H G
 D L Q Q V L T E I H P T T T R R T A

T S S S S S P R S T P P R P A G P P

GCA GCT CGA CGA CCT GCT CCC AGA GCT ACA CCC CCC AGC ACC ACG CGG CCC ACC
4599 4608 4617 4626 4635 4644
CGT CGA GCT GCT GGA CGA GGG TCT CGA TGT GGG GGG TCG TGG TGC GCC GGG TGG

R R A A G R G S R C G G S W C A G W
V E L L D E G L D V G G R G A P G G
S S C W T R V S M W G V V V R R V A

H R W L H P A V L L A G P P R R A V
M V G S T P L W W C L A P R D D P W
W S A L P P S G G A S R R A T T P G

GGT ACT GCG GTC TCC ACC CCT CGG TGG TCG TCT CGC GGC CCG CCA GCA GCC CGG
4653 4662 4671 4680 4689 4698
CCA TGA CGC CAG AGG TGG GGA GCC ACC AGC AGA GCG CCG GGC GGT CGT CGG GCC

P * R Q R W G A T S R A P G G R R A
H D A R G G E P P A E R R A V V G P
M T P E V G S H Q Q S A G R S S G H

P R P G R S G P R R L P R T D P R R
P A R D E A A R D E F P A R T L D V
R P A T R P Q G T K S P P A H * T S

TGC CCC GCG CCA GGA GCC GAC GGG CCA GAA GCT TCC CCC GCG CAC AGT CCA GCT
4707 4716 4725 4734 4743 4752
ACG GGG CGC GGT CCT CGG CTG CCC GGT CTT CGA AGG GGG CGC GTG TCA GGT CGA

T G R G P R L P G L R R G R V S G R
R G A V L G C P V F E G G A C Q V D
G A R S S A A R S S K G A R V R S T

P A L R P R A A R G R G A P P R V A
P R W A P D L P E D E A P P R V Y R
P A G P P T S R S T R P R R A S T G

GCC CCG CGG TCC GCC CCA GCT CGC CGA GCA GGA GCC GGC CGC CCG CCT GCA TGG
4761 4770 4779 4788 4797 4806
CGG GGC GCC AGG CGG GGT CGA GCG GCT CGT CCT CGG CCG GCG GGC GGA CGT ACC

R G A R R G R A A R P R P A G G R T
G A P G G V E R L V L G R R A D V P
G R Q A G S S G S S S A G G R T Y R

S R A P R L A C Q D R A V D R C G G
R G H Q A C P A N I G H S T (V) A A G X5
G V T S P A P R M S G T R R * P L G

CGG CTG GCA CGA CCC GCG TCC CGC GTA ACT AGG GCA CGC TGC AGT GCC GTC GGG
4815 4824 4833 4842 4851 4860
GCC GAC CGT GCT GGG CGC AGG GCG CAT TGA TCC CGT GCG ACG TCA CGG CAG CCC

A D R A G R R A H * S R A T S R Q P
P T V L G A G R I D P V R R H G S P
R P C W A Q G A L I P C D V T A A P

P R G * P P A R L * K T L A L L P L
 Q G A E L R P A C D N Q L H W S R F
 R A P R L A P R A T M K Y T G P A S

 GGA CCG GCC GGA GTT CCG CCC CGC GCG TCA GTA AAA CAT TCA CGG TCC TCG CCT
 4869 4878 4887 4896 4905 4914
 CCT GGC CGG CCT CAA GGC GGG GCG CGC AGT CAT TTT GTA AGT GCC AGG AGC GGA

 P G R P Q G G A R S H F V S A R S G
 L A G L K A G R A V I L * V P G A E
 W P A S R R G A Q S F C K C Q E R K

 Y A G E F P L I V H L A S A P P E A
 I P E K S H C S * T S L P R R R S P
 S L S R R I A L D R P S R V G A A R

 TCT ATC CGA GGA AGC TTA CCG TTC TAG TGC ACC TCT CGC CTG CGG CCG CCG AGC
 4923 4932 4941 4950 4959 4968
 AGA TAG GCT CCT TCG AAT GGC AAG ATC ACG TGG AGA GCG GAC GCC GGC GGC TCG

 R * A P S N G K I T W R A D A G G S
 D R L L R (M) A R S R G E R T P A A R
 I G S F E W Q D H V E S G R R R L G

 S * R V C R E N G A T A P V A R C G
 P D G * A V S T E L L P L C Q E A V
 R I V E R L A R K W C H C A S S P L

 CGC CTA GTG GAG TGC GTT GCG AGC AAA GGT CGT CAC CGT CCG TGA CGA GCC GTT
 4977 4986 4995 5004 5013 5022
 GCG GAT CAC CTC ACG CAA CGC TCG TTT CCA GCA GTG GCA GGC ACT GCT CGG CAA

 A D H L T Q R S F P A V A G T A R Q
 R I T S R N A R F Q Q W Q A L L G N
 G S P H A T L V S S S G R H C S A T

 C C A C A R R H T G P S P L G G S R
 A V L A R A G T L E Q H H S D A R D
 R L L R V R A P S N R T I P T R G I

 GGC GTT GTT CGC GTG CGC GCG GCC ACT CAA GGA CCA CTA CCC TCA GGC GGG CTA
 5031 5040 5049 5058 5067 5076
 CCG CAA CAA GCG CAC GCG CGC CGG TGA GTT CCT GGT GAT GGG AGT CCG CCC GAT

 P Q Q A H A R R * V P G D G S P P D
 R N K R T R A G E F L V M G V R P I
 A T S A R A P V S S W * W E S A R S

 A R P P A R S A R V C A G R R R V A
 R E R H L V A P G Y A R E E V V S L
 E S A T S C P Q G T R V S R * S P C

 GAG CGA GCG CCA CCT CGT GCC GAC CGG GCA TGC GTG CGA GGA GAT GCT GCC TGT
 5085 5094 5103 5112 5121 5130
 CTC GCT CGC GGT GGA GCA CGG CTG GCC CGT ACG CAC GCT CCT CTA CGA CGG ACA

R6

L A R G G A R L A R T H A P L R R T
 S L A V E H G W P V R T L L Y D G Q
 R S R W S T A G P Y A R S S T T D S

 P A T S T P A P A E E Y P A S P A S
 P L Q R L P R P L K K T R H P R L L
 R S S D F H A R S S R R V T R V S C

 CGC CCT CGA CAG CTT CAC CCG CGC CCT CGA AGA AGC ATG CCA CGC CTG CCT CGT
 5139 5148 5157 5166 5175 5184
 GCG GGA GCT GTC GAA GTG GGC GCG GGA GCT TCT TCG TAC GGT GCG GAC GGA GCA

 A G A V E V G A G A S S Y G A D G A
 R E L S K W A R E L L R T V R T E Q
 G S C R S G R G S F F V R C G R S R

 R S P G P G A S P A P P S S R P G A
 D R H G R V Q Q H L Q P L L V L G R
 I A I A G S R S I S S P S F F S A G

 CTA GCG CTA CCG GGG CCT GGA CGA CTA CCT CGA CCC CCT CTT CTT GCT CCG GGG
 5193 5202 5211 5220 5229 5238
 GAT CGC GAT GGC CCC GGA CCT GCT GAT GGA GCT GGG GGA GAA GAA CGA GGC CCC

 D R D G P G P A D G A G G E E R G P
 I A M A P D L L M E L G E K N E A P
 S R W P R T C * W S W G R R T R P R

 R P R R R R P S A R R R G R G S G P
 G L D D G D H L H G G V V E V P D R
 G S T T A T T S I G A S S R S R I G

 CGG GCT CCA GCA GCG GCA GCA CCT CTA CGG GCG GCT GCT GGA GCT GGC CTA GGG
 5247 5256 5265 5274 5283 5292
 GCC CGA GGT CGT CGC CGT CGT GGA GAT GCC CGC CGA CGA CCT CGA CCG GAT CCC

 A R G R R R R G D A R R R P R P D P
 P E V V A V V E M P A D D L D R I P
 P R S S P S W R C P P T T S T G S R

 G P P S G P R V T R G A S W D P S C
 D P L V E Q A Y Q E V P R G T R P V
 T R S S K R P T S N S R G V L G P F

 CCA GGC CCT CCT GAA GGA CCC GCA TGA CAA GCT GGC CGG CTG GTC AGG CCC CTT
 5301 5310 5319 5328 5337 5346
 GGT CCG GGA GGA CTT CCT GGG CGT ACT GTT CGA CCG GCC GAC CAG TCC GGG GAA

 G P G G L P G R T V R P A D Q S G E
 V R E D F L G V L F D R P T S P G N
 S G R T S W A Y C S T G R P V R G T

 R C C * E S P P H G P R A R A S R P
 D A A D N A R R I G Q A R V P Q D H
 M P L M M R E A S A R P A C P S I T

 GTA GCC GTC GTA GTA AGC GAG CCG CCT ACG GGA CCC GCG CGT GCC CGA CTA GCA

5355 5364 5373 5382 5391 5400
 CAT CGG CAG CAT CAT TCG CTC GGC GGA TGC CCT GGG CGC GCA CGG GCT GAT CGT

 H R Q H H S L G G C P G R A R A D R
 I G S I I R S A D A L G A H G L I V
 S A A S F A R R M P W A R T G * S W

 P A R R R R R R G S I P G T S C R S
 R P V G G V D V V R F R D P R A G A
 A P C A A S T * S G F D T R D L V P

 CCG CCC CGT GCG GCG GCT GCA GAT GCT GGG CTT TAG CCA GGC CAG CTC GTG GCC
 5409 5418 5427 5436 5445 5454
 GGC GGG GCA CGC CGC CGA CGT CTA CGA CCC GAA ATC GGT CCG GTC GAG CAC CGG

 G G A R R R R L R P E I G P V E H R
 A G H A A D V Y D P K S V R S S T G
 R G T P P T S T T R N R S G R A P A

 A T R G A R R G P A T V P R P S P S
 R Q E G Q G G D P H R * R A L H H V
 E S N E R G A T R T G D G P S T I S

 GAG CGA CAA GAG GGA CGG GCG GCA GGC CCA CGG CAG TGG CCC GCT CCA CTA CCT
 5463 5472 5481 5490 5499 5508
 CTC GCT GTT CTC CCT GCC CGC CGT CCG GGT GCC GTC ACC GGG CGA GGT GAT GGA

 L A V L P A R R P G A V T G R G D G
 S L F S L P A V R V P S P G E V M D
 R C S P C P P S G C R H R A R * W T

 P P P G G P R R C A S R G P R Y P R
 P H L G A P G G A R R D D Q D T R V
 Q T S A R R A A P V G I T R T P V S

 GAC CCA CCT CCG GGC GGC CCG GCG GCC GTG CGG CTA GCA GGA CCA GCC ATG CCT
 5517 5526 5535 5544 5553 5562
 CTG GGT GGA GGC CCG CCG GGC CGC CGG CAC GCC GAT CGT CCT GGT CGG TAC GGA

 L G G G P P G R R H A D R P G R Y G
 W V E A R R A A G T P I V L V G T D
 G W R P A G P P A R R S S W S V R T

 A R R S R H T R S R S * G A S G A A
 L V A V A I H E V E V E G L R G Q Q
 S C P S Q S T N S K S K V W G V R S

 GCT CGT GCC GCT GAC GCT ACA CAA GCT GAA GCT GAA GTG GGT CGG CTG GGA CGA
 5571 5580 5589 5598 5607 5616
 CGA GCA CGG CGA CTG CGA TGT GTT CGA CTT CGA CTT CAC CCA GCC GAC CCT GCT

 R A R R L R C V R L R L H P A D P A
 E H G D C D V F D F D F T Q P T L L
 S T A T A M C S T S T S P S R P C C

 S R C H S L R A * C R R A Y T T R S
 Q D A I L C G P E A V G P T R Q A V

S I P L S V A P S L L A Q R V N H S
 CGA CTA GCC GTT ACT CTG TCG GCC CGA GTC GTT GCG GAC CGC ATG CAA CAC GCT
 5625 5634 5643 5652 5661 5670
 GCT GAT CGG CAA TGA GAC AGC CGG GCT CAG CAA CGC CTG GCG TAC GTT GTG CGA
 A D R Q * D S R A Q Q R L A Y V V R
 L I G N E T A G L S N A W R T L C D
 * S A M R Q P G S A T P G V R C A T
 C P * C G S P R S R S S A S R P S R
 V R D A D R H G A G R A R Q V R R V
 * V T L M G I A P E A L E S F A A F
 GAT GTG CCA GTC GTA GGG CTA CCG GCC GAG GCG CTC GAG CGA CTT GCG CCG CTT
 5679 5688 5697 5706 5715 5724
 CTA CAC GGT CAG CAT CCC GAT GGC CGG CTC CGC GAG CTC GCT GAA CGC GGC GAA
 L H G Q H P D G R L R E L A E R G E
 Y T V S I P M A G S A S S L N A A N
 T R S A S R W P A P R A R * T R R T
 R S R S G R R L P V A A S * R F F R
 G R G R D E V F R Y P L P D A S S G
 A A V A I R * S A T R C R I L P L V
 GCG GCG CTG GCG CTA GGA GAT GCT TCG CCA TGC CGT CGC CTA GTC GCC TTC TTG
 5733 5742 5751 5760 5769 5778
 CGC CGC GAC CGC GAT CCT CTA CGA AGC GGT ACG GCA GCG GAT CAG CGG AAG AAC
 R R D R D P L R S G T A A D Q R K N
 A A T A I L Y E A V R Q R I S G R T
 P R P R S S T K R Y G S G S A E E P
 L L E R L L R P Y N Y R A R A R D Q
 C C S G S C G P T T T G P G R G T R
 A V V G Q A A P P L Q V Q G A G P G
 GCG TTG TTG AGG GAC TCG TCG GCC CCC ATC AAC ATG GAC CGG GCG CGG GCC AGG
 5787 5796 5805 5814 5823 5832
 CGC AAC AAC TCC CTG AGC AGC CGG GGG TAG TTG TAC CTG GCC CGC GCC CGG TCC
 R N N S L S S R G * (L) Y L A R A R S
 A T T P * A A G G S C T W P A P G P
 Q Q L P E Q P G V V P G P R P V L
 I R G V I E A H R E F D G A L R G L
 S G G W S R R T G S S T A Q W V A W
 P D A G R D G R A A R L R R G S P G
 ACC TAG GCG GGG TGC TAG AGG CGC ACG GCG AGC TTC AGC GGA CGG TCT GCC GGG
 5841 5850 5859 5868 5877 5886
 TGG ATC CGC CCC ACG ATC TCC GCG TGC CGC TCG AAG TCG CCT GCC AGA CGG CCC
 W I R P T I S A C R S K S P A R R P
 G S A P R S P R A A R S R L P D G P
 D P P H D L R V P L E V A C Q T A Q

T A A P D S G L T L A E V D G E Y V
 R P L P T R A W R * L R S T V R T C
 A H C R P G L G A D S G R R * G R V

 TCG CAC CGT CGC CCC AGG CTC GGG TCG CAG TCT CGG AGC TGC AGT GGG AGC ATG
 5895 5904 5913 5922 5931 5940
 AGC GTG GCA GCG GGG TCC GAG CCC AGC GTC AGA GCC TCG ACG TCA CCC TCG TAC

 S V A A G S E P S V R A S T S P S Y
 A W Q R G P S P A S E P R R H P R T
 R G S G V R A Q R Q S L D V T L V H

 S S M F E A E P P L V P L S G S A L
 P P C S N R K P R C C R C P A R R S
 R L V H I G S R A A A G A P L G V R

 TGC CTC CTG TAC TTA AGG CGA AGC CCG CCG TCG TGG CCG TCC CTC GGG CTG CGC
 5949 5958 5967 5976 5985 5994
 ACG GAG GAC ATG AAT TCC GCT TCG GGC GGC AGC ACC GGC AGG GAG CCC GAC GCG

 T E D M N S A S G G S T G R E P D A
 R R T * I P L R A A A P A G S P T R
 G G H E F R F G R Q H R Q G A R R E

 T E L M R A T F L G T D A V L P S V
 R K S C G P R S C G R T P W S R A S
 A N R A D P G H V A G H R G R A P Q

 TCG CAA AGC TCG TAG GCC CGG CAC TTG TCG GGG CAC AGC CGG TGC TCG CCC GAC
 6003 6012 6021 6030 6039 6048
 AGC GTT TCG AGC ATC CGG GCC GTG AAC AGC CCC GTG TCG GCC ACG AGC GGG CTG

 S V S S I R A V N S P V S A T S G L
 A F R A S G P * T A P C R P R A G *
 R F E H P G R E Q P R V G H E R A D

 L V P T I V A R G M E T V V H G F P
 W C R R S S P G D W R P S S M D S R
 G A G A H H R G T G D R H R C T R V

 TGG TCG TGG CCG CAC TAC TGC CGG GCA GGG TAG AGC CAC TGC TGT ACA GGC TTG
 6057 6066 6075 6084 6093 6102
 ACC AGC ACC GGC GTG ATG ACG GCC CGT CCC ATC TCG GTG ACG ACA TGT CCG AAC

 T S T G V M T A R P I S V T T C P N
 P A P A * * R P V P S R * R H V R T
 Q H R R D D G P S H L G D D M S E R

 V P P Q V E V G S * G N R S G R L H
 C R R S S R S A A E A T G A G A S T
 A G A A P G R R R K L R E P E R P P

 CCG TGG CCG CCG ACC TGG AGC TGC GGC GAA GTC GGC AAG GCC GAG GGC GCC TCC
 6111 6120 6129 6138 6147 6156
 GGC ACC GGC GGC TGG ACC TCG ACG CCG CTT CAG CCG TTC CGG CTC CCG CGG AGG

G T G G W T S T P L Q P F R L P R R
 A P A A G P R R R F S R S G S R G G
 H R R L D L D A A S A V P A P A E V

 H G R L R P L D G R G V V A R L G S
 I D E F G P C T E G D W W R G C V R
 S T R S A P A P R G T G G G G A S G

 ACT ACA GGA GCT TCG GCC CCG TCC AGA GGG GCA GGG TGG TGG CGG GCG TCT GGG
 6165 6174 6183 6192 6201 6210
 TGA TGT CCT CGA AGC CGG GGC AGG TCT CCC CGT CCC ACC ACC GCC CGC AGA CCC

 * C P R S R G R S P R P T T A R R P
 D V L E A G A G L P V P P P P A D P
 (M) S S K P G Q V S P S H H R P Q T R X7

 D A A A P G T Q R G G R G R H V A E
 I R R L R A Q R A A E V V E I F P K
 F G G C G P R D P P R W S R S S R S

 CTT AGG CGG CGT CGG CCC GGA CAG ACC GCC GGA GGT GCT GGA GCT ACT TGC CGA
 6219 6228 6237 6246 6255 6264
 GAA TCC GCC GCA GCC GGG CCT GTC TGG CGG CCT CCA CGA CCT CGA TGA ACG GCT

 E S A A A G P V W R P P R P R * T A
 N P P Q P G L S G G L H D L D E R L
 I R R S R A C L A A S T T S M N G F

 V A G L Q Q R H V A A R L G A G S R
 W R G W N S G I Y Q L E Y D R E P G
 G G G G T A A S T S C S T T G S R V

 AGG TGG CGG GGG TCA ACG ACG GCT ACA TGA CGT CGA GCA TCA GGG CGA GGC CTG
 6273 6282 6291 6300 6309 6318
 TCC ACC GCC CCC AGT TGC TGC CGA TGT ACT GCA GCT CGT AGT CCC GCT CCG GAC

 S T A P S C C R C T A A R S P A P D
 P P P P V A A D V L Q L V V P L R T
 H R P Q L L P M Y C S S * S R S G P

 A G T S A T G A P A N R F L P L V R
 L E R P H R V L Q P M G F C P F F E
 S S G H I G Y W S P C E S V P S S S

 GCT CGA GGG CAC CTA CGG CAT GGT CGA CCC CGT AAG GCT TTG TCC CCT TCT TGA
 6327 6336 6345 6354 6363 6372
 CGA GCT CCC GTG GAT GCC GTA CCA GCT GGG GCA TTC CGA AAC AGG GGA AGA ACT

 R A P V D A V P A G A F R N R G R T
 E L P W M P Y Q L G H S E T G E E L
 S S R G C R T S W G I P K Q G K N S

 G R R A L P G D V Q A A P R P R Q A
 A G D P L P G T L K P Q L V L D S L
 P G T P C P A R * S P S C S S T A S

 GCC GGG GCA GCC CGT TCC CCG GGC AGT TGA ACC CGA CGT CCT GCT CCA GCG ACT

6381			6390			6399			6408			6417			6426		
CGG	CCC	CGT	CGG	GCA	AGG	GGC	CCG	TCA	ACT	TGG	GCT	GCA	GGA	CGA	GGT	CGC	TGA

R	P	R	R	A	R	G	P	S	T	W	A	A	G	R	G	R	*
G	P	V	G	Q	G	A	R	Q	L	G	L	Q	D	E	V	A	E
A	P	S	G	K	G	P	V	N	L	G	C	R	T	R	S	L	S

R	L	L	A	T	A	L	E	R	D	L	P	H	R	R	L	Q	R
A	S	Y	L	R	R	W	N	E	I	S	H	T	G	V	S	S	D
R	P	T	S	G	D	G	I	R	S	R	T	P	A	S	P	A	T

CGC	GCC	TCA	TCT	CGG	CAG	CGG	TTA	AGA	GCT	AGC	TCA	CCC	ACG	GCT	GCC	TCG	ACA
6435			6444			6453			6462			6471			6480		
GCG	CGG	AGT	AGA	GCC	GTC	GCC	AAT	TCT	CGA	TCG	AGT	GGG	TGC	CGA	CGG	AGC	TGT

A	R	S	R	A	V	A	N	S	R	S	S	G	C	R	R	S	C
R	G	V	E	P	S	P	I	L	D	R	V	G	A	D	G	A	V
A	E	*	S	R	R	Q	F	S	I	E	W	V	P	T	E	L	S

R	R	H	R	C	R	G	L	P	R	*	F	D	I	I	L	R	R
D	A	T	A	V	G	G	L	H	G	D	S	I	S	*	*	A	G
T	P	P	P	S	V	A	W	T	A	T	L	F	R	N	D	P	A

GCA	GCC	GCC	ACC	GCT	GTG	GCG	GGT	TCA	CCG	GCA	GTC	TTT	AGC	TAA	TAG	TCC	GCG
6489			6498			6507			6516			6525			6534		
CGT	CGG	CGG	TGG	CGA	CAC	CGC	CCA	AGT	GGC	CGT	CAG	AAA	TCG	ATT	ATC	AGG	CGC

R	R	R	W	R	H	R	P	S	G	R	Q	K	S	I	I	R	R
V	G	G	G	D	T	A	Q	V	A	V	R	N	R	L	S	G	A
S	A	(V)	A	T	P	P	K	W	P	S	E	I	D	Y	Q	A	P

D	R	P	F	S	C	A	L	E	I	Q	E	D	S	L	Y	Q	R
T	G	P	F	R	A	P	W	N	S	R	S	T	R	C	I	S	G
P	G	Q	S	V	L	L	G	T	R	D	A	R	G	V	S	V	A

GCC	AGG	GAC	CCT	TTG	CTC	GTC	CGG	TCA	AGC	TAG	ACG	AGC	AGG	CTG	TCT	ATG	ACG
6543			6552			6561			6570			6579			6588		
CGG	TCC	CTG	GGA	AAC	GAG	CAG	GCC	AGT	TCG	ATC	TGC	TCG	TCC	GAC	AGA	TAC	TGC

R	S	L	G	N	E	Q	A	S	S	I	C	S	S	D	R	Y	C
G	P	W	E	T	S	R	P	V	R	S	A	R	P	T	D	T	A
V	P	G	K	R	A	G	Q	F	D	L	L	V	R	Q	I	L	P

A	E	F	M	F	V	L	H	T	G	W	R	V	D	P	E	V	P
P	R	S	C	S	C	L	I	H	E	G	A	C	T	R	S	W	R
P	G	R	V	H	V	C	S	T	N	G	L	A	R	G	A	G	G

GCC	CGG	AGC	TTG	TAC	TTG	TGT	TCT	ACA	CAA	GGG	GTC	GCG	TGC	AGG	CCG	AGG	TGG
6597			6606			6615			6624			6633			6642		
CGG	GCC	TCG	AAC	ATG	AAC	ACA	AGA	TGT	GTT	CCC	CAG	CGC	ACG	TCC	GGC	TCC	ACC

R	A	S	N	M	N	T	R	C	V	P	Q	R	T	S	G	S	T
G	P	R	T	*	T	Q	D	V	F	P	S	A	R	P	A	P	P
G	L	E	H	E	H	K	M	C	S	P	A	H	V	R	L	H	R

L	H	R	P	I	Q	E	D	M	R	S	L	A	G	S	V	R	V
F	I	G	R	S	R	S	T	W	G	R	F	R	A	A	S	G	S

S S A A P D A R G D A F A R R Q G P
CCT TCT ACG GCG CCC TAG ACG AGC AGG TAG GCG CTT TCG CGC GGC GAC TGG GCC
6651 6660 6669 6678 6687 6696
GGA AGA TGC CGC GGG ATC TGC TCG TCC ATC CGC GAA AGC GCG CCG CTG ACC CGG
G R C R G I C S S I R E S A P L T R
E D A A G S A R P S A K A R R * P G
K M P R D L L V H P R K R A A D P D
E C G A E G A A E V Y A A V T Q S F
R V A R K V R R R W M P P L P R A S
G * L G S * G G G G C L R C R D P Q
TGG AGT GTC GGG CGA AGT GGG CGG CGG AGG TGT ATC CGC CGT TGC CAG ACC GAC
6705 6714 6723 6732 6741 6750
ACC TCA CAG CCC GCT TCA CCC GCC GCC TCC ACA TAG GCG GCA ACG GTC TGG CTG
T S Q P A S P A A S T * A A T V W L
P H S P L H P P P P H R R Q R S G *
L T A R F T R R L H I G G N G L A E
G A Q W H L N G A V L V R A E A M G
D R R G I F I G P * S C G P K R W E
I G G A L S S E R S R A G P S G G N
TTA GGG CGG ACG GTT ACT TCT AAG GGC CGA TGC TCG TGG GCC CGA AGG CGG TAA
6759 6768 6777 6786 6795 6804
AAT CCC GCC TGC CAA TGA AGA TTC CCG GCT ACG AGC ACC CGG GCT TCC GCC ATT
N P A C Q * R F P A T S T R A S A I
I P P A N E D S R L R A P G L P P F
S R L P M K I P G Y E H P G F R H S
G E W P C V Q L W W Q R Q S D L S F
A R G L V C R Y G G S A S H T * P F
R G G L S V G T A V V P A T L R P F
GGC GGG AGG GTT CCT GTG TGG ACA TCG GTG GTG ACC GCG ACA CTC AGA TCC CTT
6813 6822 6831 6840 6849 6858
CCG CCC TCC CAA GGA CAC ACC TGT AGC CAC CAC TGG CGC TGT GAG TCT AGG GAA
P P S Q G H T C S H H W R C E S R E
R P P K D T P V A T T G A V S L G K
A L P R T H L * P P L A L * V * G K
S S P F C Q H F C Q L F C Q P C F E
P V P S V S T F V S S F V S P V F N
L F Q P F V P S F V P S F V P S L I
TTC CTT GAC CCC TTT GTG ACC ACT TTT GTG ACC TCT TTT GTG ACC CCT GTT TTA
6867 6876 6885 6894 6903 6912
AAG GAA CTG GGG AAA CAC TGG TGA AAA CAC TGG AGA AAA CAC TGG GGA CAA AAT
K E L G K H W * K H W R K H W G Q N
R N W G N T G E N T G E N T G D K I
G T G E T L V K T L E K T L G T K F

A P V A A * P G A E L V D A A R V L
 L R S R Q E P A Q R W C T P Q G S W
 * G P G S S L P R G G A R R S G P G

 AGT CGG CCC TGG CGA CGA GTC CCC GGA CGG AGG TCG TGC AGC CGA CGG GCC TGG
 6921 6930 6939 6948 6957 6966
 TCA GCC GGG ACC GCT GCT CAG GGG CCT GCC TCC AGC ACG TCG GCT GCC CGG ACC

 S A G T A A Q G P A S S T S A A R T
 Q P G P L L R G L P P A R R L P G P
 S R D R C S G A C L Q H V G C P D Q

 V A S R T G I K L R E L A K V P A V
 Y P R A P A S R * G S W P R * P L W
 T R G L P H R D E A A G P G K R S G

 TCA TGC CGG CTC GCC CAC GGC TAG AAG TCG GCG AGG TCC CGG AAA TGC CCT CGG
 6975 6984 6993 7002 7011 7020
 AGT ACG GCC GAG CGG GTG CCG ATC TTC AGC CGC TCC AGG GCC TTT ACG GGA GCC

 S T A E R V P I F S R S R A F T G A
 V R P S G C R S S A A P G P L R E P
 Y G R A G A D L Q P L Q G L Y G S H

 P I K R S R D T V A I V A H A P L A
 R S R V A A T P S P S * R M R P C R
 G P D * P Q P R H R R D G C A R A A

 TGG CCC TAG AAT GCC GAC GCC AGC CAC TGC CGC TAG TGG CGT ACG CGC CCG TCG
 7029 7038 7047 7056 7065 7074
 ACC GGG ATC TTA CGG CTG CGG TCG GTG ACG GCG ATC ACC GCA TGC GCG GGC AGC

 T G I L R L R S V T A I T A C A G S
 P G S Y G C G R * R R S P H A R A A
 R D L T A A V G D G D H R M R G Q R

 S A L S R L L A R W R S R P C R G K
 R R S R A C C P G G G A A R A G A R
 G V R A L A A P G A V P Q A P V Q G

 CGG CTG CGC TCG CTC GCG TCG TCC CGG GCG GTG GCC GAC GCG CCC GTG GAC GGG
 7083 7092 7101 7110 7119 7128
 GCC GAC GCG AGC GAG CGC AGC AGG GCC CGC CAC CGG CTG CGC GGG CAC CTG CCC

 A D A S E R S R A R H R L R G H L P
 P T R A S A A G P A T G C A G T C P
 R R E R A Q Q G P P P A A R A P A L

 G T R A S G Y P L D A L V V D P A S
 G L A H A G T R C T P W C S M P R P
 E W H T R E R V A P R G A R C R A R

 AAG GGT CAC GCA CGC GAG GGC ATG CCG TCC AGC CGG TCG TGC TGT AGC CCG CGC
 7137 7146 7155 7164 7173 7182
 TTC CCA GTG CGT GCG CTC CCG TAC GGC AGG TCG GCC AGC ACG ACA TCG GGC GCG

F P V R A L P Y G R S A S T T S G A
 S Q C V R S R T A G R P A R H R A R
 P S A C A P V R Q V G Q H D I G R G

 G A L V A S L A R P D F V D A T R I
 G P S S P P C R V R I S S T R P A S
 V R R P R R V A C A S R L R G R H P

 CTG GGC CGC TCC TGC CGC CTG TCG CGT GCG CCT AGC TTC TGC AGG CGC CAC GCC
 7191 7200 7209 7218 7227 7236
 GAC CCG GCG AGG ACG GCG GAC AGC GCA CGC GGA TCG AAG ACG TCC GCG GTG CGG

 D P A R T A D S A R G S K T S A V R
 T R R G R R T A H A D R R R P R C G
 P G E D G G Q R T R I E D V R G A D

 A C P L A G G E A T L R E R L R R A
 P A R C R V A R R R * A S G C G A P
 H R V A A C R G G G D P A G A A P P

 TAC CGC GTG CCG TCG CGT GGC GGG AGG CGG CAG TCC GCG AGG GCG TCG GCC GCC
 7245 7254 7263 7272 7281 7290
 ATG GCG CAC GGC AGC GCA CCG CCC TCC GCC GTC AGG CGC TCC CGC AGC CGG CGG

 M A H G S A P P S A V R R S R S R R
 W R T A A H R P P P S G A P A A G G
 G A R Q R T A L R R Q A L P Q P A G

 A Q A A E L Y S P K G F R E S Q E R
 P R R P R W I P P S A S V S A R S V
 R G A R G G S L L A Q R F A R E A *

 CGC CGG ACG CGC CGG AGG TCT ATC CTC CCG AAC GGC TTT GCG AGC GAG ACG AGT
 7299 7308 7317 7326 7335 7344
 GCG GCC TGC GCG GCC TCC AGA TAG GAG GGC TTG CCG AAA CGC TCG CTC TGC TCA

 A A C A A S R * E G L P K R S L C S
 R P A R P P D R R A C R N A R S A H
 G L R G L Q I G G L A E T L A L L T

 R E L E R A T L G A P S L L A L N K
 G N S S A R P * G P R R S C P S I R
 A T R A R A R D A R G A L A P R S E

 GCG GCA AGC TCG AGC GCG CGC CAG TCG GGC CGG CCG CTC TCG TCC CGC TCT AAG
 7353 7362 7371 7380 7389 7398
 CGC CGT TCG AGC TCG CGC GCG GTC AGC CCG GCC GGC GAG AGC AGG GCG AGA TTC

 R R S S S R A V S P A G E S R A R F
 A V R A R A R S A R P A R A G R D S
 P F E L A R G Q P G R R E Q G E I L

 A A L E L P A P D V D S A I V Q R L
 R R S S W R P P T W M P P S * R G C
 E G R A G A P R P G C R L R D G A A

 AAG CGG CGC TCG AGG TCG CCC CGC CCC AGG TGT AGC CTC CGC TAG TGG ACG GCG

7407: 7416: 7425: 7434: 7443: 7452:
 TTC GCC GCG AGC TCC AGC GGG GCG GGG TCC ACA TCG GAG GCG ATC ACC TGC CGC

 F A A S S S G A G S T S E A I T C R
 S P R A P A G R G P H R R R S P A A
 R R E L Q R G G V H I G G D H L P Q

 S R R H L L G L V T L L Y G S G C C
 R A G T C C G W C R * S T V A A A A
 A L A P A A A G A G D P P L R Q R L

 TCG CTC GCG GCC ACG TCG TCG GGG TCG TGG CAG TCC TCC ATT GGC GAC GGC GTC
 7461 7470 7479 7488 7497 7506
 AGC GAG CGC CGG TGC AGC AGC CCC AGC ACC GTC AGG AGG TAA CCG CTG CCG CAG

 S E R R C S S P S T V R R * P L P Q
 A S A G A A A P A P S G G N R C R S
 R A P V Q Q P Q H R Q E V T A A A A

 P D W L T V P G D G P L R A L A R Q
 R T G C R * R V T A P S A P S P G S
 V P G V A D G S R R R P P P R P G A

 GTG CCC AGG GTG TCG CAG TGG CCT GGC AGC GGC CCC TCC GCC CGC TCC CGG GCG
 7515 7524 7533 7542 7551 7560
 CAC GGG TCC CAC AGC GTC ACC GGA CCG TCG CCG GGG AGG CGG GCG AGG GCC CGC

 H G S H S V T G P S P G R R A R A R
 T G P T A S P D R R R G G G R G P A
 R V P Q R H R T V A G E A G E G P L

 F I E T A L R V P F A P Y G P A S H
 S S R P R W A S P S P P T V R R P T
 P L D R D G P P R P L R P L G A R L

 ACC TTC TAG AGC CAG CGG TCC GCC TGC CCC TTC CGC CCC ATT GGC CCG CGC CTC
 7569 7578 7587 7596 7605 7614
 TGG AAG ATC TCG GTC GCC AGG CGG ACG GGG AAG GCG GGG TAA CCC GGC GCG GAG

 W K I S V A R R T G K A G * P G A E
 G R S R S P G G R G R R G N P A R S
 E D L G R Q A D G E G G V T R R G V

 L V V G C A L D S S D I R E V A H R
 S C S V A P S I P V T S G S W P T A
 P A R C R L R S R F Q R D A G R R P

 ACC TCG TGC TGT GGC GTC CGC TCT AGC CTT GAC AGC TAG GCG AGG TGC CGC ACC
 7623 7632 7641 7650 7659 7668
 TGG AGC ACG ACA CCG CAG GCG AGA TCG GAA CTG TCG ATC CGC TCC ACG GCG TGG

 W S T T P Q A R S E L S I R S T A W
 G A R H R R R D R N C R S A P R R G
 E H D T A G E I G T V D P L H G V A

 Y A S (V) Q G S G L V E S G G G D C G
 T R V * R D V G W Y K P V A E T A A

Ra

P V C E G T W E G T S R F R R R R L

 GCC ATG CGT GAG TGG ACA GGT GAG GGG TCA TGA AGC CTT GGC GGA GGC AGC GTC
 7677 7686 7695 7704 7713 7722
 CGG TAC GCA CTC ACC TGT CCA CTC CCC AGT ACT TCG GAA CCG CCT CCG TCG CAG

 R Y A L T C P L P S T S E P P P S Q
 G T H S P V H S P V L R N R L R R S
 V R T H L S T P Q Y F G T A S V A A

 Q L S * L A A A G A P S A G L Q R R
 R F R D Y H R P G P R P L E W S G G
 G S A I M T G R G R G P F S G A A A

 GGG ACT TCG CTA GTA TCA CGG CGC CGG GGC CGG CCC CTT CGA GGG TCG ACG GCG
 7731 7740 7749 7758 7767 7776
 CCC TGA AGC GAT CAT AGT GCC GCG GCC CCG GCC GGG GAA GCT CCC AGC TGC CGC

 P * S D H S A A A P A G E A P S C R
 P E A I I V P R P R P G K L P A A A
 L K R S * C R G P G R G S S Q L P P

 V C L D G A G G P S D T T G P S A P
 S V C T V P A E P A T P R G L H L R
 P C V P * R R R R P Q R D D W T F G

 GCC TGT GTG TCC AGT GGC CGC GGA GGC CCC GAC AGC CAG CAG GGT CCA CTT CGG
 7785 7794 7803 7812 7821 7830
 CGG ACA CAC AGG TCA CCG GCG CCT CCG GGG CTG TCG GTC GTC CCA GGT GAA GCC

 R T H R S P A P P G L S V V P G E A
 G H T G H R R L R G C R S S Q V K P
 D T Q V T G A S G A V G R P R * S R

 R D A R D G G L D R L N E R I H G S
 A T P A T V A W I E S T K G F T G R
 P P R R P * R G F R Q P K G S H A G

 CCC GCC AGC CGC GCC AGT GGC GGG TTT AGA GAC TCC AAA AGG GCT TAC ACG GGG
 7839 7848 7857 7866 7875 7884
 GGG CGG TCG GCG CGG TCA CCG CCC AAA TCT CTG AGG TTT TCC CGA ATG TGC CCC

 G R S A R S P P K S L R F S R M C P
 G G R R G H R P N L * G F P E C A P
 A V G A V T A Q I S E V F P N V P R

 R R N G C E S A T T A L F P P G H G
 G V I A A S R H R L Q S S P R A M D
 V * S Q R V G I G Y N R P L A P W T

 CTG GAT GCT AAC GGC GTG AGG CTA CGG CAT CAA CGC TCC TTC CCG CCC GGT ACA
 7893 7902 7911 7920 7929 7938
 GAC CTA CGA TTG CCG CAC TCC GAT GCC GTA GTT GCG AGG AAG GGC GGG CCA TGT

 D L R L P H S D A V V A R K G G P C
 T Y D C R T P M P * L R G R A G H V
 P T I A A L R C R S C E E G R A (M) S

Q1

H E R P E * G S C T Q Q H G S P R A
 M N G P N E A P V R R S T V P P A P
 W T G P T R L R F V D A P S R L P P

 GGT ACA AGG GCC CCA AGA GTC GGC CTT GTG CAG ACG ACC ACT GGC CTC CCC GCC
 7947 7956 7965 7974 7983 7992
 CCA TGT TCC CGG GGT TCT CAG CCG GAA CAC GTC TGC TGG TGA CCG GAG GGG CGG

 P C S R G S Q P E H V C W * P E G R
 H V P G V L S R N T S A G D R R G G
 M F P G F S A G T R L L V T G G A G

 E D A R V H D V G E Q L G P G L D G
 K M P E C T T S A K R S A P A S T V
 S * R S A R P R R R G P P R P R P *

 CGA AGT AGC CGA GCG TGC ACC AGC TGC GGA AGG ACC TCC GGC CCC GGC TCC AGT
 8001 8010 8019 8028 8037 8046
 GCT TCA TCG GCT CGC ACG TGG TCG ACG CCT TCC TGG AGG CCG GGG CCG AGG TCA

 A S S A R T W S T P S W R P G P R S
 L H R L A R G R R L P G G R G R G H
 F I G S H V V D A F L E A G A E V T

 H Q V V Q G G T V R F T Q V W T R D
 T S S S R V V P S G S R R S G R A T
 R A P R G S W R H G P V D P G V H P

 GGC ACG ACC TGC TGG ACT GGT GGC CAC TGG GCC TTG CAG ACC TGG GTG CAC GCC
 8055 8064 8073 8082 8091 8100
 CCG TGC TGG ACG ACC TGA CCA CCG GTG ACC CGG AAC GTC TGG ACC CAC GTG CGG

 P C W T T * P P V T R N V W T H V R
 R A G R P D H R * P G T S G P T C G
 V L D D L T T G D P E R L D P R A V

 D T A D V H G I G G G Q V L G H P R
 M R R T S T V S A A A R S S A T R D
 * G D R R R S R H R R G P R P R A T

 AGT AGG CAG CGC AGC TGC ACT GGC TAC GGC GGC GGG ACC TGC TCC GGC ACG CCA
 8109 8118 8127 8136 8145 8154
 TCA TCC GTC GCG TCG ACG TGA CCG ATG CCG CCG CCC TGG ACG AGG CCG TGC GGT

 S S V A S T * P M P P P W T R P C G
 H P S R R R D R C R R P G R G R A V
 I R R V D V T D A A A L D E A V R S

 R A G V D D A M E R G L D V D P D R
 A R G S T M Q W R A A W I S T R T E
 P A G R R * R G D R P G S R R G P R

 GCC GCG CGG GGC TGC AGT AGA CCG TAG AGC GCC GGC TCT AGC TGC AGG CCC AGA
 8163 8172 8181 8190 8199 8208
 CGG CGC GCC CCG ACG TCA TCT GCC ATC TCG CGG CCC AGA TCG ACG TCC GGG TCT

R R A P T S S A I S R P R S T S G S
G A P R R H L P S R G P D R R P G L
A R P D V I C H L A A Q I D V R V S

H G C R G D V R P D V D L A R D V H
T A V G A T S A R T L T S P V I L T
P P W V P R R R A P * R R P C S * R

GCC ACC GGT GTG GCC GGC AGC TGC GCG CCC AGT TGC AGC TCC CGT GCT AGT TGC
8217 8226 8235 8244 8253 8262
CGG TGG CCA CAC CGG CCG TCG ACG CGC GGG TCA ACG TCG AGG GCA CGA TCA ACG

R W P H R P S T R G S T S R A R S T
G G H T G R R R A G Q R R G H D Q R
V A T P A V D A R V N V E G T I N V

Q F R R V G D P R P D H E G G G A P
S S A A C A T P A R T T N A E V P P
A P L P A R R R P A P R T R R W R R

ACG ACC TTC GCC GCG TGC GGC AGC CCC GCG CCC AGC ACA AGC GGA GGT GGC CGC
8271 8280 8289 8298 8307 8316
TGC TGG AAG CGG CGC ACG CCG TCG GGG CGC GGG TCG TGT TCG CCT CCA CCG GCG

C W K R R T P S G R G S C S P P P A
A G S G A R R R G A G R V R L H R R
L E A A H A V G A R V V F A S T G G

R E V P F A N R D R R V L V R Q G P
A S * P S P T G T G V F S S V S G L
P A R R P L R E P G S S R P C A A W

CCC GCG AGA TGC CCC TTC CGC AAG GCC AGG GCT GCT TGC TCC TGT GCG ACG GGT
8325 8334 8343 8352 8361 8370
GGG CGC TCT ACG GGG AAG GCG TTC CGG TCC CGA CGA ACG AGG ACA CGC TGC CCA

G R S T G K A F R S R R T R T R C P
G A L R G R R S G P D E R G H A A Q
A L Y G E G V P V P T N E D T L P R

R P R G V A R G L V A R L L V D A Q
G P A G * P V A L Y Q A S F Y M P R
A P P A R R C P W T S R P S T C R G

CCG GCC CCC GCG GGA TGC CGT GCC GGT TCA TGA CGC GCC TCT TCA TGT AGC CGG
8379 8388 8397 8406 8415 8424
GGC CGG GGG CGC CCT ACG GCA CGG CCA AGT ACT GCG CGG AGA AGT ACA TCG GCC

G R G R P T A R P S T A R R S T S A
A G G A L R H G Q V L R G E V H R P
P G A P Y G T A K Y C A E K Y I G L

E V P Q V S G L V A H Q P E A V H V
N L R S C P V S C L T N R S P L T Y
T * G A A R F R A C R T A A R C R T

ACA AGT TGG CCG ACG TGC CTT GGC TCG TGT CGC ACA ACG CCG AGC CGT TGC ACA

8433	8442	8451	8460	8469	8478
TGT TCA ACC GGC	TGC ACG GAA CCG	AGC ACA GCG TGT	TGC GGC TCG GCA	ACG TGT	
C S T G C T E P S T A C C G S A T C	V Q P A A R N R A Q R V A A R Q R V	F N R L H G T E H S V L R L G N V Y			
P G P L A R A T L R A D D G D V A P	P G R C L G P P S A P T M A M * Q P	R A G A S G P R H P P R * R W R S R			
TGC CCG GGG CCG TCT CGG GCC CGC CAC TCC GCC CGC AGT AGC GGT AGA TGA CGC	8487	8496	8505	8514	8523
ACG GGC CCC GGC AGA GCC CGG GCG GTG AGG CGG GCG TCA TCG CCA TCT ACT GCG					8532
T G P G R A R A V R R A S S P S T A	R A P A E P G R * G G R H R H L L R	G P R Q S P G G E A G V I A I Y C G			
Q G G L A S H G R H E A V T R L G T	S A E S P P T G V T N P S P E C V R	A P R R P R L A W P T R R R N A S G			
CCG ACC GGA GGC TCC CGC CTC ACG GGT GCC ACA AGC CGC TGC CAA GCG TCT GGG	8541	8550	8559	8568	8577
GGC TGG CCT CCG AGG GCG GAG TGC CCA CGG TGT TCG GCG ACG GTT CGC AGA CCC					8586
G W P P R A E C P R C S A T V R R P	A G L R G R S A H G V R R R F A D P	L A S E G G V P T V F G D G S Q T R			
V V H V D A V D G R R E D R R V A G	S * T Y T P S T A A A N T A G Y P V	H S R T R R R R R P T R R A T R C			
CAC TGA TGC ACA TGC AGC CGC TGC AGC GGC GCC GCA AGC AGC GCG GCA TGC CGT	8595	8604	8613	8622	8631
GTG ACT ACG TGT ACG TCG GCG ACG TCG CCG CGG CGT TCG TCG CGC CGT ACG GCA					8640
V T T C T S A T S P R R S S R R T A	* L R V R R R R R G V R R A V R H	D Y V Y V G D V A A A F V A P Y G T			
D A R R R S C R V R A L P A R H Q L	T P G A D P V D S V P L P L V T S S	R R G P T Q F M P C P C P S C P A P			
GGC AGC CGG GCC GCA GAC CTT GTA GCC TGT GCC CGT TCC CCT CGT GCC ACG ACC	8649	8658	8667	8676	8685
CCG TCG GCC CGG CGT CTG GAA CAT CGG ACA CGG GCA AGG GGA GCA CGG TGC TGG					8694
P S A R R L E H R T R A R G A R C W	R R P G V W N I G H G Q G E H G A G	V G P A S G T S D T G K G S T V L E			
D E V V D G G G G P A V Q R G T E R	T R S W M A A A E P R S R G G R K A				

P G R G C R R R R A R G A E G N R

 TCC AGG AGC TGG TGT AGC GGC GGC GGA GGC CCG CGC TGG ACG GAG GGG CAA AGC
 8703 8712 8721 8730 8739 8748
 AGG TCC TCG ACC ACA TCG CCG CCG CCT CCG GGC GCG ACC TGC CTC CCC GTT TCG

 R S S T T S P P P P G A T C L P V S
 G P R P H R R R L R A R P A S P F R
 V L D H I A A A S G R D L P P R F A

 G A P R A L D L V A G Q V D S T D G
 G R R G P S I W C L V R S T V R T A
 A G G A P R S G A C C G P R * E H R

 GCG GGG CGG CCG GCC CGC TCT AGG TCG TGT CGT GGG ACC TGC AGT GAG CAC AGC
 8757 8766 8775 8784 8793 8802
 CGC CCC GCC GGC CGG GCG AGA TCC AGC ACA GCA CCC TGG ACG TCA CTC GTG TCG

 R P A G R A R S S T A P W T S L V S
 A P P A G R D P A Q H P G R H S C R
 P R R P G E I Q H S T L D V T R V A

 G I Q A P G R G D R Q L F A D G G G
 A S R P Q V A D T G S S F P M A A V
 R R D P S S R T R G A P S L C R R W

 GGC GGC TAG ACC CGA CCT GGC GCA GGC AGG GCG ACC TCT TTC CGT AGC GGC GGT
 8811 8820 8829 8838 8847 8856
 CCG CCG ATC TGG GCT GGA CCG CGT CCG TCC CGC TGG AGA AAG GCA TCG CCG CCA

 P P I W A G P R P S R W R K A S P P
 R R S G L D R V R P A G E R H R R H
 A D L G W T A S V P L E K G I A A T

 V G P D T G T R G D P L L C S * S A
 * A Q T R E P E G T R C C A H S V Q
 R R R P G N R N A R G A A P M V L K

 GGA TGC GGA CCC AGG CAA GGC CAA GCG GGC AGG CCG TCG TCC GTA CTG ATT GAA
 8865 8874 8883 8892 8901 8910
 CCT ACG CCT GGG TCC GTT CCG GTT CGC CCG TCC GGC AGC AGG CAT GAC TAA CTT

 P T P G S V P V R P S G S R H D * L
 L R L G P F R F A R P A A G M T N L
 Y A W V R S G S P V R Q Q A * L T C

 C A C C S D T A S A S R P P P G T C
 A P A A P T R P R R R D R H R G R V
 R L R L L L G H G V G I A T A A G Y

 CGC GTC CGC GTC GTC CTC AGG CAC CGG CTG CGG CTA GCG CCA CCG CCG GGC CAT
 8919 8928 8937 8946 8955 8964
 GCG CAG GCG CAG CAG GAG TCC GTG GCC GAC GCC GAT CGC GGT GGC GGC CCC GTA

 A Q A Q Q E S V A D A D R G G G P V
 R R R S R S P W P T P I A V A A P Y
 A G A A G V R G R R R S R W R P R T

A S C C H H A A R S R R P A T G P *
 R L V A T T H L A V G A R H P A P D
 V C F L L P T C R S E P A T R H R T

 GTG CGT CTT GTC GTC ACC ACA CGT CGC GCT GAG GCC GCG CCA CGC CAC GGC CCA
 8973 8982 8991 9000 9009 9018
 CAC GCA GAA CAG CAG TGG TGT GCA GCG CGA CTC CGG CGC GGT GCG GTG CCG GGT

 H A E Q Q W C A A R L R R G A V P G
 T Q N S S G V Q R D S G A V R C R V
 R R T A V V C S A T P A R C G A G S

 S R A S D R R R S T G D R R R V C G
 A G Q P T G G G V P A T A G G F A G
 L E K R L G A A S Q H R R A E S R V

 GTC GAG GAA CGC CTC AGG GCG GCG GCT GAC CAC GGC AGC GCG GAG GCT TGC GTG
 9027 9036 9045 9054 9063 9072
 CAG CTC CTT GCG GAG TCC CGC CGC CGA CTG GTG CCG TCG CGC CTC CGA ACG CAC

 Q L L A E S R R R L V P S R L R T H
 S S L R S P A A D W C R R A S E R T
 A P C G V P P P T G A V A P P N A P

 A L L G P A P P L P P H A P R P R C
 Q W Y A R R L L Y R L T L R G P D V
 R G T P G A C S T A S P S G A P T S

 GGA CGG TCA TCC GGG CCG CGT CCT CCA TCG CCT CCC ACT CGG CCG GCC CCA GCT
 9081 9090 9099 9108 9117 9126
 CCT GCC AGT AGG CCC GGC GCA GGA GGT AGC GGA GGG TGA GCC GGC CGG GGT CGA

 P A S R P G A G G S G G * A G R G R
 L P V G P A Q E V A E G E P A G V D
 C Q * A R R R R * R R V S R P G S T

 R P R G R A R A A P L E R A G A E K
 D H V V A H E P L L C S A R V R R R
 M T S S R T S P C C A A R A C G G G

 GTA GCA CCT GCT GGC GCA CGA GCC CGT CGT CCG TCG AGC GCG CGT GGG CGG AGG
 9135 9144 9153 9162 9171 9180
 CAT CGT GGA CGA CCG CGT GCT CGG GCA GCA GGC AGC TCG CGC GCA CCC GCC TCC

 H R G R P R A R A A G S S R A P A S
 I V D D R V L G Q Q A A R A H P P P
 S W T T A C S G S R Q L A R T R L L

 M L A I F S T D E G S Q L N V G T R
 * * R S S P P T R V P S C T S A P A
 E D A R H L L H G * R V A P Q R R H

 AAG TAG TCG CGC TAC TTC CTC CAC AGG AGT GGC CTG ACG TCC AAC TGC GGC CAC
 9189 9198 9207 9216 9225 9234
 TTC ATC AGC GCG ATG AAG GAG GTG TCC TCA CCG GAC TGC AGG TTG ACG CCG GTG

F I S A M K E V S S P D C R L T P V
 S S A R * R R C P H R T A G * R R C
 H Q R D E G G V L T G L Q V D A G A

 S L D L D F T L G Q R R A F D A D V
 A * T W T S P S A R A A R S T P T S
 P E P G P R L H P G P P A R L R R R

 GCC GAG TCC AGG TCC AGC TTC CAC TCC GGG ACC GCC GCG CGC TTC AGC CGC AGC
 9243 9252 9261 9270 9279 9288
 CGG CTC AGG TCC AGG TCG AAG GTG AGG CCC TGG CGG CGC GCG AAG TCG GCG TCG

 R L R S R S K V R P W R R A K S A S
 G S G P G R R * G P G G A R S R R R
 A Q V Q V E G E A L A A R E V G V D

 G M C A G W I K I D G R D R H W G V
 A W A P A G S R S T G A T A T G A S
 R G H L R G L D Q H G R P R P A L R

 TGC GGG TAG GTC CGC GGG GTC TAG AAC TAC AGG GGC GCC AGC GCC ACG GTC GGC
 9297 9306 9315 9324 9333 9342
 CG CCC ATG CAG GCG CCC CAG ATC TTG ATG TCC CCG CGG TCG CGG TGC CAG CCG

 T P M Q A P Q I L M S P R S R C Q P
 R P C R R P R S * C P R G R G A S R
 A H A G A P D L D V P A V A V P A D

 L H F Q G S S L F W P L R R L E R P
 S T S S G R P C S G P C G A S S E R
 R P P V A G L V P V L A A P P A R A

 TGC TCC ACC TTG ACG GGG CTC CTG TCC TTG GTC CCG TCG GCC GCC TCG AGA GCG
 9351 9360 9369 9378 9387 9396
 ACG AGG TGG AAC TGC CCC GAG GAC AGG AAC CAG GGC AGC CGG CGG AGC TCT CGC

 T R W N C P E D R N Q G S R R S S R
 R G G T A P R T G T R A A G G A L A
 E V E L P R G Q E P G Q P A E L S R

 P R L R A G V V H A G A R F A A R V
 R D C G R V S W T R G P A S R P A S
 A T A A A C R G R A G R R P V R R P

 CCG CCA GCG TCG GCG CGT GGC TGG TGC ACG CGG GGC CGC GCC TTG CGC CGC GCC
 9405 9414 9423 9432 9441 9450
 GGC GGT CGC AGC CGC GCA CCG ACC ACG TGC GCC CCG GCG CGG AAC GCG GCG CGG

 G G R S R A P T T C A P A R N A A R
 A V A A A H R P R A P R R G T R R G
 R S Q P R T D H V R P G A E R G A D

 A D V A S A E L R V D D D V F L V H
 P T W P P P R W G C T T T W S C C T
 R R G R R L G G A A R R R G R V A R

 TGC CGC AGG TGC CGC CTC CGG AGG TCG GCG TGC AGC AGC AGG TGC TTG TCG TGC

9459 9468 9477 9486 9495 9504
 ACG GCG TCC ACG GCG GAG GCC TCC AGC CGC ACG TCG TCG TCC ACG AAC AGC ACG

 T A S T A E A S S R T S S S T N S T
 R R P R R R P P A A R R R P R T A R
 G V H G G G L Q P H V V V H E Q H V

 R D A W E R L V T N R S A S L G R T
 G T P G N G C C R T V P R R C G E R
 A P R G M G A A G H * P V G V A R A

 ACG GCC AGC CGG GTA AGG GCG TCG TGG CAC AAT GCC CTG CGG CTG TCG GGA GCG
 9513 9522 9531 9540 9549 9558
 TGC CGG TCG GCC CAT TCC CGC AGC ACC GTG TTA CGG GAC GCC GAC AGC CCT CGC

 C R S A H S R S T V L R D A D S P R
 A G R P I P A A P C Y G T P T A L A
 P V G P F P Q H R V T G R R Q P S R

 A G L I R M T G G A E N V Q T A V K
 P G W S G C R G G P R T * R P P S R
 H G G P D A D D G R G R E G P H R G

 CAC CGG GGG TCC TAG GCG TAG CAG GGG GGC CGG AGC AAG TGG ACC CAC CGC TGG
 9567 9576 9585 9594 9603 9612
 GTG GCC CCC AGG ATC CGC ATC GTC CCC CCG GCC TCG TTC ACC TGG GTG GCG ACC

 V A P R I R I V P P A S F T W V A T
 W P P G S A S S P R P R S P G W R P
 G P Q D P H R P P G L V H L G G D L

 E A E P T V P R D L L V V Y E D G N
 R P R L H * R G T W C C S T N T V T
 E R G * T D G A P G A A R R I R * R

 AAG AGC CGG AGT CCA CAG TGG CCG GCC AGG TCG TCG TGC TGC ATA AGC AGT GGC
 9621 9630 9639 9648 9657 9666
 TTC TCG GCC TCA GGT GTC ACC GGC CGG TCC AGC AGC ACG ACG TAT TCG TCA CCG

 S A S G V T G R S S S T T Y S S P
 S R P Q V S P A G P A A R R I R H R
 L G L R C H R P V Q Q H D V F V T V

 L Q D L N H R L H R R V N E L R F A
 * S T S T T G C I G A S T R W V S P
 E V P R P Q A A S A P P R E G S P L

 AAG TTG ACC AGC TCC AAC ACG GCG TCT ACG GCC GCC TGC AAG AGG TCT GCC TTC
 9675 9684 9693 9702 9711 9720
 TTC AAC TGG TCG AGG TTG TGC CGC AGA TGC CGG CGG ACG TTC TCC AGA CGG AAG

 F N W S R L C R R C R R T F S R R K
 S T G R G C A A D A G G R S P D G R
 Q L V E V V P Q M P A D V L Q T E G

 C V A V V (M) P R R G P T N R D A T E
 V S R W W Q V G G P P T G T R L R

GT2

C L G G G N S A A R P H E P G C D
 CGT GTC TGG CGG TGG TGG TAA CCT GCG GCG GGC CCC CAC AAG GCC AGG CGT CAG
 9729 9738 9747 9756 9765 9774
 GCA CAG ACC GCC ACC ACC ATT GGA CGC CGC CCG GGG GTG TTC CGG TCC GCA GTC
 A Q T A T T I G R R P G V F R S A V
 H R P P P P L D A A R G C S G P Q S
 T D R H H H W T P P G G V P V R S L
 K K D V T V G T H S R E A P P P V R
 K R T W L * E L I A A N R R R P C E
 R E Q G C D S W Y P Q T G G A P A S
 AGA AAG AAC AGG TGT CAG TGA GGT CAT ACC GAC GCA AGG CGG CCG CCC CCG TGA
 9783 9792 9801 9810 9819 9828
 TCT TTC TTG TCC ACA GTC ACT CCA GTA TGG CTG CGT TCC GCC GGC GGG GGC ACT
 S F L S T V T P V W L R S A G G G T
 L S C P Q S L Q Y G C V P P A G A L
 F L V H S H S S M A A F R R R G H S
 S H * D D N M T R V A K * S I H * L
 R T D T T M * R V F Q K R L F T S F
 A L T L R * E D Y S S S E L F H A L
 GCG CTC ACA GTC AGC AGT AAG TAG CAT GCT TGA CGA AAG ATT CTT TAC ACG ATT
 9837 9846 9855 9864 9873 9882
 CGC GAG TGT CAG TCG TCA TTC ATC GTA CGA ACT GCT TTC TAA GAA ATG TGC TAA
 R E C Q S S F I V R T A F * E M C *
 A S V S R H S S Y E L L S K K C A K
 R V S V V I H R T N C F L R N V L K
 I P P E S R M P A T L R S A D A * W
 F R R S R G C Q R Q * D R L T P R G
 S D A A G V A N A S N T E F R R G V
 TCT TAG CCG CCG AGG CTG GCG TAA CCG CGA CAA TCA GAG CTT CGC AGC CGG ATG
 9891 9900 9909 9918 9927 9936
 AGA ATC GGC GGC TCC GAC CGC ATT GGC GCT GTT AGT CTC GAA GCG TCG GCC TAC
 R I G G S D R I G A V S L E A S A Y
 E S A A P T A L A L L V S K R R P T
 N R R L R P H W R C * S R S V G L P
 F S Q V P S P H Q F C P A E N P R I
 S R S S L H P I N S A P R R M R A F
 L V V P C T L S T P L L A G * E P S
 GTC TTG CTG ACC TGT CCA CTC CCT ACA ACC TTC GTC CCG CGG AGT AAG CCC GCT
 9945 9954 9963 9972 9981 9990
 CAG AAC GAC TGG ACA GGT GAG GGA TGT TGG AAG CAG GGC GCC TCA TTC GGG CGA
 Q N D W T G E G C W K Q G A S F G R
 R T T G Q V R D V G S R A P H S G E
 E R L D R * G (M) L E A G R L I R A N

V R H Q G I A A G D G E L L D V T S
S G T S V * R P A T E R W S T S P P
H G P A S R D R R R R G G P P R R H

TAC TGG GCC ACG ACT GGA TAG CGC CGC GGC AGA GGG AGG TCC TCC AGC TGC CAC
9999 10008 10017 10026 10035 10044
ATG ACC CGG TGC TGA CCT ATC GCG GCG CCG TCT CCC TCC AGG AGG TCG ACG GTG

M T R C * P I A A P S P S R R S T V
* P G A D L S R R R L P P G G R R W
D P V L T Y R G A V S L Q E V D G G

Y R G P S Y R K L F P V Q E K G L A
I A G Q R I G K * S R C R N K G S P
F L A R A F V K E P V A G T R E R P

CTT ATC GCG GGA CCG CTT ATG GAA AAG TCC TTG CCG TGG ACA AGA AAG GGC TCC
10053 10062 10071 10080 10089 10098
GAA TAG CGC CCT GGC GAA TAC CTT TTC AGG AAC GGC ACC TGT TCT TTC CCG AGG

E * R P G E Y L F R N G T C S F P R
N S A L A N T F S G T A P V L S R G
I A P W R I P F Q E R H L F F P E G

A H S A G R H R R P H P D S E P G V
P T P R A A I G V P T R T V K R V S
R R P V R R S A S P P A P * K G S R

CGC CGC ACC CTG CGC GGC GCT ACG GCT GCC CCC ACG CCC AGT GAA AGG CCT GGC
10107 10116 10125 10134 10143 10152
GCG GCG TGG GAC GCG CCG CGA TGC CGA CGG GGG TGC GGG TCA CTT TCC GGA CCG

A A W D A P R C R R G C G S L S G P
R R G T R R D A D G G A G H F P D R
G V G R A A M P T G V R V T F R T D

G L P E C E P V R G T R G G L H R A
A S P S A N R Y A A R G A G S I G P
R R P A R M G T R P G D Q G R S A P

TGC GGC TCC CCG AGC GTA AGG CCA TGC GCC GGG CAG GAC GGG GGC TCT ACG GCC
10161 10170 10179 10188 10197 10206
ACG CCG AGG GGC TCG CAT TCC GGT ACG CGG CCC GTC CTG CCC CCG AGA TGC CGG

T P R G S H S G T R P V L P P R C R
R R G A R I P V R G P S C P R D A G
A E G L A F R Y A A R P A P E M P G

R G L R R V D V Y S H V A L R D G A
G G S V A C T S T R T S P L G T A L
G A R S P A R R R V L P R C A P R W

CGG GCG GGC TCT GCC GCG TGC AGC TGC ATG CTC ACC TGC CGT TCG GCC AGC GGT
10215 10224 10233 10242 10251 10260
GCC CGC CCG AGA CGG CGC ACG TCG ACG TAC GAG TGG ACG GCA AGC CGG TCG CCA

A R P R R R T S T Y E W T A S R S P
P A R D G A R R R T S G R Q A G R Q
P P E T A H V D V R V D G K P V A S

E G Q H G V P L D V R A P D P C Q R
R G R T V S R S T W V H R T P A S G
G G G P S R G P P G C T G P R P V A

CGG AGG GGG ACC ACT GGC TGG CCC TCC AGG TGT GCA CGG CCC AGC CCC GTG ACG
10269 10278 10287 10296 10305 10314
GCC TCC CCC TGG TGA CCG ACC GGG AGG TCC ACA CGT GCC GGG TCG GGG CAC TGC

A S P W * P T G R S T R A G S G H C
P P P G D R P G G P H V P G R G T A
L P L V T D R E V H T C R V G A L P

A A A V A K H L Q P Q G A Q V L E D
P P L S R R T S S H S G P R F W N T
P R C R G G Q P A T A A R G S G T R

GCC CGC CGT CGC TGG CGG AAC ACC TCG ACA CCG ACG GGC CGG ACT TGG TCA AGC
10323 10332 10341 10350 10359 10368
GGG GCG GCA GCG ACC GCC TTG TGG AGC TGT GGC TGC CCG GCC TGA ACC AGT TCG

R A A A T A L W S C G C P A * T S S
G R Q R P P C G A V A A R P E P V R
G G S D R L V E L W L P G L N Q F V

Q V A H L * R C A G L H A P V G M G
R C P T S N G A P A S T P R S V W V
G A R R P T V P L R R P P G P C G Y

AGG ACG TGC CGC ACC TCA ATG GCC GTC CGC GGC TCC ACC CGG CCC TGT GGG TAT
10377 10386 10395 10404 10413 10422
TCC TGC ACG GCG TGG AGT TAC CGG CAG GCG CCG AGG TGG GCC GGG ACA CCC ATA

S C T A W S Y R Q A P R W A G T P I
P A R R G V T G R R R G G P G H P Y
L H G V E L P A G A E V G R D T H T

R G A P D V V P G G L R L A S P R Q
A G R Q T W * P A E S D C P L P A S
R A G S P G S R P R R T A P C L P A

GGC GCG GGG CGA CCC AGG TGA TGC CCC GGA GGC TCA GCG TCC CGT CTC CCC GCG
10431 10440 10449 10458 10467 10476
CCG CGC CCC GCT GGG TCC ACT ACG GGG CCT CCG AGT CGC AGG GCA GAG GGG CGC

P R P A G S T T G P P S R R A E G R
R A P L G P L R G L R V A G Q R G A
A P R W V H Y G A S E S Q G R G A L

R G G P V P G R G D G G F E P Q V Q
D G V R F Q V A V T A V S S P S S R
T A W G S S S R S R R W R V R A P G

ACA GCG GGT GGG CCT TGA CCT GGC GCT GGC AGC GGT GGC TTG AGC CCG ACC TGG

10485 10494 10503 10512 10521 10530

TGT CGC CCA CCC GGA ACT GGA CCG CGA CCG TCG CCA CCG AAC TCG GGC TGG ACC

C R P P G T G P R P S P P N S G W T
V A H P E L D R D R R H R T R A G P
S P T R N W T A T V A T E L G L D L

G R Q R D P R A A V E L R E E R G Q
V E S A I P A P Q * R W G S K A V R
S R A P S R P P S S G G A A R R S G

ACT GGA GCG ACC GCT AGC CCC GCC CGA CGA TGG AGG TCG GCG AGA AGC GCT GGG
10539 10548 10557 10566 10575 10584

TGA CCT CGC TGG CGA TCG GGG CGG GCT GCT ACC TCC AGC CGC TCT TCG CGA CCC

* P R W R S G R A A T S S R S S R P
D L A G D R G G L L P P A A L R D P
T S L A I G A G C Y L Q P L F A T L

E A V Q G G I Q D R A H D A H V D I
S R S R G A S R I V H M T P M F M *
A G R G A R R D S * T C P R C S C R

ACG AGG CGC TGG ACG GGC GGC TAG ACT AGT GCA CGT ACC AGC CGT ACT TGT AGA
10593 10602 10611 10620 10629 10638

TGC TCC GCG ACC TGC CCG CCG ATC TGA TCA CGT GCA TGG TCG GCA TGA ACA TCT

C S A T C P P I * S R A W S A * T S
A P R P A R R S D H V H G R H E H L
L R D L P A D L I T C M V G M N I Y

A R T G Q V L E G V P R V Q D P Q D
P A R A R F W N V * R G F R T P S T
H R A H G S G T * R G A S G P R A P

TAC CGC GCG CAC GGG ACT TGG TCA AGT GGA TGG CCG GCT TGG ACC AGC CCG ACC
10647 10656 10665 10674 10683 10692

ATG GCG CGC GTG CCC TGA ACC AGT TCA CCT ACC GGC CGA ACC TGG TCG GGC TGG

M A R V P * T S S P T G R T W S G W
W R A C P E P V H L P A E P G R A G
G A R A L N Q F T Y R P N L V G L V

P D D P L S V G R G R Q D D R G V V
R I M R S R C G E V G S T M A D W W
G S * G P A V G R S G A P * R T G G

AGG CCT AGT AGG CCC TCG CTG TGG GGA GCT GGG GCG ACC AGT AGC GCA GGG TGG
10701 10710 10719 10728 10737 10746

TCC GGA TCA TCC GGG AGC GAC ACC CCT CGA CCC CGC TGG TCA TCG CGT CCC ACC

S G S S G S D T P R P R W S S R P T
P D H P G A T P L D P A G H R V P P
R I I R E R H P S T P L V I A S H H

V R G P V V R Q F S V A V Q G Q R L
* E G Q C S G S S P S P * R D K V S

S S A R A R G A P L L R S G T R S P
 TGA TGA GCG GGA CCG TGC TGG GCG ACC TTC CTC TGC CGA TGG ACA GGA ACT GCC
 10755 10764 10773 10782 10791 10800
 ACT ACT CGC CCT GGC ACG ACC CGC TGG AAG GAG ACG GCT ACC TGT CCT TGA CGG
 T T R P G T T R W K E T A T C P * R
 L L A L A R P A G R R R L P V L D G
 Y S P W H D P L E G D G Y L S L T E
 D P L L G T L H D I Q Q A R V A V L
 T R S C V R S T T S R S R A S P S S
 P G P A S G H P P R D A A R P R R R
 TCC AGG CCC TCG TCT GGC CAC TCC ACC AGC TAG ACG ACG CGC GCC TGC CGC TGC
 10809 10818 10827 10836 10845 10854
 AGG TCC GGC AGC AGA CCC GTG AGG TGG TCG ATC TGC TGC GCG CGG ACG GCG ACG
 R S G S R P V R W S I C C A R T A T
 G P G A D P * G G R S A A R G R R R
 V R E Q T R E V V D L L R A D G D E
 V D V V D V A R A E G A G F G G V Q
 F T W * T W P G L R A P G S V A W R
 S R G S R G R G S G R R G R F R G G
 TCT TGC AGG TGA TGC AGG TGC CGG GCT CGG AGC GGC CGG GGC TTT GGC GGC TGG
 10863 10872 10881 10890 10899 10908
 AGA ACG TCC ACT ACG TCC ACG GCC CGA GCC TCG CCG GCC CCG AAA CCG CCC ACC
 R T S T T S T A R A S P A P K P P T
 E R P L R P R P E P R R P R N R P P
 N V H Y V H G P S L A G P E T A H L
 V D L R P V G I R Q V E V L L P V V
 Y T S G R Y V S G S C K L W S P C S
 T R R A A T C R D A A S * G P P A R
 ACA TGC AGC TCG GCG CCA TGT GGC TAG GCG ACG TGA AGT TGG TCC TCC CCG TGC
 10917 10926 10935 10944 10953 10962
 TGT ACG TCG AGC CGC GGT ACA CCG ATC CGC TGC ACT TCA ACC AGG AGG GGC ACG
 C T S S R G T P I R C T S T R R G T
 V R R A A V H R S A A L Q P G G A R
 Y V E P R Y T D P L H F N Q E G H D
 Q Q R G S E L P L E H L Q H R V Q H
 R S A A A K W R F S T S S T G S R T
 G A P P R K G A S A R P A P A P G P
 TGG ACG ACC GCC GGC GAA AGG TCG CCT TCG AGC ACC TCG ACC ACG GCC TGG ACC
 10971 10980 10989 10998 11007 11016
 ACC TGC TGG CGG CCG CTT TCC AGC GGA AGC TCG TGG AGC TGG TGC CGG ACC TGG
 T C W R P L S S G S S W S W C R T W
 P A G G R F P A E A R G A G A G P G
 L L A A A F Q R K L V E L V P D L V

P G S E R V R G A L C Q P D L F G R
 R D Q S G S E G R L A S R I * S G A
 A T R V G P S E G C P V A S R P V R

 ACG CCA GGA CTG AGG GCC TGA GAG GGG CGT TCC GTG ACG CCT AGA TCC TTG GGC
 11025 11034 11043 11052 11061 11070
 TGC GGT CCT GAC TCC CGG ACT CTC CCC GCA AGG CAC TGC GGA TCT AGG AAC CCG

 C G P D S R T L P A R H C G S R N P
 A V L T P G L S P Q G T A D L G T R
 R S * L P D S P R K A L R I * E P A

 V Y R T S P R I G R C R R H T R S A
 S T D P P H D S G E A D G I H G P L
 P R I P H I T P D R Q M A S T D P F

 GCC TGC ATA GCC CAC CTA CCA GCC TAG GGA GAC GTA GCG GCT ACA CAG GCC CTT
 11079 11088 11097 11106 11115 11124
 CGG ACG TAT CGG GTG GAT GGT CGG ATC CCT CTG CAT CGC CGA TGT GTC CGG GAA

 R T Y R V D G R I P L H R R C V R E
 G R I G W M V G S L C I A D V S G K
 D V S G G W S D P S A S P M C P G S

 R P R L C G T R G S S P I R G R A E
 G H A F A V L G A Q L R S E V G L K
 G T P S P L W D P R F V P N S G S S

 CGG GCA CCC GCT TCC GTT GGT CAG GCC GGA CTT CTG CCC TAA GCT GGG GCT CGA
 11133 11142 11151 11160 11169 11178
 GCC CGT GGG CGA AGG CAA CCA GTC CGG CCT GAA GAC GGG ATT CGA CCC CGA GCT

 A R G R R Q P V R P E D G I R P R A
 P V G E G N Q S G L K T G F D P E L
 P W A K A T S P A * R R D S T P S F

 G T D P G Y S G Q R H A R H G R A A
 A L I Q A M H A K V T R E T V G L L
 R W Y R P W I L R S P A S P S G S C

 AGC GGT CAT AGA CCC GGT ATA CTC GGA ACT GCC ACG CGA GCC ACT GGG GCT CGT
 11187 11196 11205 11214 11223 11232
 TCG CCA GTA TCT GGG CCA TAT GAG CCT TGA CGG TGC GCT CGG TGA CCC CGA GCA

 S P V S G P Y E P * R C A R * P R A
 R Q Y L G H M S L D G A L G D P E Q
 A S I W A I * A L T V R S V T P S S

 R R D * P Q L L R P E A P P L G P A
 A A I E R N S Y G H S L L L F V Q L
 R P S R V T P T A T A * C S S S R S

 CGC GCC GCT AGA GTG CCA ACC TCA TCG GCA CCG AGT CGT CCT CCT TCT GGA CCT
 11241 11250 11259 11268 11277 11286
 GCG CGG CGA TCT CAC GGT TGG AGT AGC CGT GGC TCA GCA GGA GGA AGA CCT GGA

A R R S H G W S S R G S A G G R P G
 R G D L T V G V A V A Q Q E E D L E
 A A I S R L E * P W L S R R K T W S

 R P R L T F T G P Q A R G A L P V P
 E R D S L L H V Q S L G E L W P F Q
 S A T P S Y I Y R A S G K W G P S S

 CGA GCG CCA GCC TCT CAT TTA CAT GGA CCG ACT CGG GAA GGT CGG TCC CCT TGA
 11295 11304 11313 11322 11331 11340
 GCT CGC GGT CGG AGA GTA AAT GTA CCT GGC TGA GCC CTT CCA GCC AGG GGA ACT

 A R G R R V N V P G * A L P A R G T
 L A V G E * M Y L A E P F Q P G E L
 S R S E S K C T W L S P S S Q G N W

 G R P S I S R R W F * Q F R L R F I
 D E H L F R D D G S D S S D C G S Y
 T R T S F D I T A L I V P I A A P I

 CCA GGA GCA CCT CTT TAG CTA GCA GCG GTC TTA GTG ACC TTA GCG TCG GCC TTA
 11349 11358 11367 11376 11385 11394
 GGT CCT CGT GGA GAA ATC GAT CGT CGC CAG AAT CAC TGG AAT CGC AGC CGG AAT

 G P R G E I D R R Q N H W N R S R N
 V L V E K S I V A R I T G I A A G I
 S S W R N R S S P E S L E S Q P E Y

 A F D P G R I L T H D K C A R L P *
 P L T Q G G Y S R T T R A H G L L D
 H C L R A G T H A H P G Q M G * S T

 TAC CGT TTC AGA CCG GGG GCA TAC TCG CAC ACC AGG AAC GTA CGG GAT TCT CCA
 11403 11412 11421 11430 11439 11448
 ATG GCA AAG TCT GGC CCC CGT ATG AGC GTG TGG TCC TTG CAT GCC CTA AGA GGT

 M A K S G P R M S V W S L H A L R G
 W Q S L A P V * A C G P C M P * E V
 G K V W P P Y E R V V L A C P K R S

 G V C R T D L R R L A G G S F * S S
 D S A D L I L A G F P A V V S S H L
 M R R M S Y * P A S P R W W Q V I F

 GTA GGC TGC GTA GCT CAT AGT TCC GCG GCT TCC CGC GGT GGT GAC TTG ATA CTT
 11457 11466 11475 11484 11493 11502
 CAT CCG ACG CAT CGA GTA TCA AGG CGC CGA AGG GCG CCA CCA CTG AAC TAT GAA

 H P T H R V S R R R R A P P L N Y E
 I R R I E Y Q G A E G R H H * T M K
 S D A S S I K A P K G A T T E L * R

 T L A I G G M R R I P G P C * E D Q
 R S P S V V W A V F P D Q V N S M K
 V H P R Y W G H S S H T R S M V * R

 CTG CAC TCC CGC TAT GGT GGG TAC GCT GCT TAC CCA GGA CCT GTA ATG AGT AGA

11511 11520 11529 11538 11547 11556
 GAC GTG AGG GCG ATA CCA CCC ATG CGA CGA ATG GGT CCT GGA CAT TAC TCA TCT

 D V R A I P P M R R M G P G H Y S S
 T * G R Y H P C D E W V L D I T H L
 R E G D T T H A T N G S W T L L I L

 D D * R M * P R T P A G Q H R R S D
 I M K D C R R G P Q P A K T G G A T
 S * R I A D V A P N P R R P A A Q Q

 ACT AGT AGA ATA GCG TAG ATG CCG GCC CAA CCC CGC GGA ACC ACG GCG GAC GAC
 11565 11574 11583 11592 11601 11610
 TGA TCA TCT TAT CGC ATC TAC GGC CGG GTT GGG GCG CCT TGG TGC CGC CTG CTG

 * S S Y R I Y G R V G A P W C R L L
 D H L I A S T A G L G R L G A A C C
 I I L S H L R P G W G A L V P P A V

 H A P G A S A H A L R I L R G T G P
 T L L A R R P T P L A S L A A R A R
 R S C P G G L R P C P P Y P P G H G

 AGC ACT CGT CCC GGG CGG CTC CGC ACC CGT TCC GCC TAT TCC GCC GGG CAC GGG
 11619 11628 11637 11646 11655 11664
 TCG TGA GCA GGG CCC GCC GAG GCG TGG GCA AGG CGG ATA AGG CGG CCC GTG CCC

 S * A G P A E A W A R R I R R P V P
 R E Q G P P R R G Q G G * G G P C P
 V S R A R R G V G K A D K A A R A R

 T H V A I V G S P V R S R T R R A G
 H T C P (L) * A P L F A A V P G G P A
 T H A R C D R R F S R P * P D A Q R

 CCA CAC ACG TGC CGT TAG TGC GGC CTT CCT TGC GCC GAT GCC CAG GCG GAC CGC
 11673 11682 11691 11700 11709 11718
 GGT GTG TGC ACG GCA ATC ACG CCG GAA GGA ACG CGG CTA CGG GTC CGC CTG GCG

 G V C T A I T P E G T R L R V R L A
 V C A R Q S R R K E R G Y G S A W R
 C V H G N H A G R N A A T G P P G A

 G R G P A P S A G R L I R C G P P R
 V A G L R R H H V E F F G A D R R G
 W R A W A G T I C R S S D P M G A A

 GGT GGC GCG GGT CCG CGG CCA CTA CGT GGA GCT TCT TAG GCC GTA GGG CCG CCG
 11727 11736 11745 11754 11763 11772
 CCA CCG CGC CCA GGC GCC GGT GAT GCA CCT CGA AGA ATC CGG CAT CCC GGC GGC

 P P R P G A G D A P R R I R H P G G
 H R A Q A P V M H L E E S G I P A A
 T A P R R R * C T S K N P A S R R P

 G A R F R P A D G A K T P R G H A G
 A Q G S V P R T V Q K P R G A M R A

P R G Q F P A R * R S Q D A P W A R
GCC GGA CGG GAC TTT GCC CCG CGC AGT GGA CGA AAC CAG CCG GCC GGT ACG CGC
11781 11790 11799 11808 11817 11826
CGG CCT GCC CTG AAA CGG GGC GCG TCA CCT GCT TTG GTC GGC CGG CCA TGC GCG
R P A L K R G A S P A L V G R P C A
G L P * N G A R H L L W S A G H A R
A C P E T G R V T C F G R P A M R A
R L * R I T A P Y I F V R K S L S E
G Y D V S R Q P I Y S F G N R Y V K
G T I L P D N R S I H F G T E I F K
GGG GCA TTA GTT GCC TAG CAA CGC CCT ATA TAC TTT TGG GCA AAG CTA TTT GAA
11835 11844 11853 11862 11871 11880
CCC CGT AAT CAA CGG ATC GTT GCG GGA TAT ATG AAA ACC CGT TTC GAT AAA CTT
P R N Q R I V A G Y M K T R F D K L
P V I N G S L R D I * K P V S I N F
P * S T D R C G I Y E N P F R * T F
C Q R C A R K T W S P S S P A R * R
A N A V H A N Q G A R R R L R G S G
R M P S M R T K D L E A V F A G A V
AGC GTA ACC GCT GTA CGC GCA AAA CAG GTC GAG CCG CTG CTT CCG CGG GCG ATG
11889 11898 11907 11916 11925 11934
TCG CAT TGG CGA CAT GCG CGT TTT GTC CAG CTC GGC GAC GAA GGC GCC CGC TAC
S H W R H A R F V Q L G D E G A R Y
R I G D M R V L S S S A T K A P A T
A L A T C A F C P A R R R R R P L P
G H C H S L Q R T G A S G Q P A V G
G T V T A * N V R E Q L V R P P W V
A R S L P E I S A N R C F G P P G C
GCG GGC ACT GTC ACC GAG TTA ACT GCG CAA GGA CGT CTT GGG ACC CCC CGG TGT
11943 11952 11961 11970 11979 11988
GCG CCG TGA CAG TGG CTC AAT TGA CGC GTT CCT GCA GAA CCC TGG GGG GCC ACA
R P * Q W L N * R V P A E P W G A T
A R D S G S I D A F L Q N P G G P H
P V T V A Q L T R S C R T L G G H T
R I E P N G A R L G Q R R P R H P Q
E S R L I G L A Y A K A V L A T R N
R P D * S E W R T P R P S S P P A T
GGA GCC TAG AGT CCT AAG GGT CGC GCA TCC GGA ACC GCT GCT CCC GCC ACG CCA
11997 12006 12015 12024 12033 12042
CCT CGG ATC TCA GGA TTC CCA GCG CGT AGG CCT TGG CGA CGA GGG CGG TGC GGT
P R I S G F P A R R P W R R G R C G
L G S Q D S Q R V G L G D E G G A V
S D L R I P S A * A L A T R A V R L

A G P L A G D D Q Q R P V R G G P P
P V R F R E M M K S V H Y E V G Q R
P C G S A S W * R A S T T S S G R A

ACC CGT GGG CCT TCG CGA GGT AGT AGA ACG ACT GCA CCA TGA GCT GGG GGA CCG
12051 12060 12069 12078 12087 12096
TGG GCA CCC GGA AGC GCT CCA TCA TCT TGC TGA CGT GGT ACT CGA CCC CCT GGC

W A P G S A P S S C * R G T R P P G
G H P E A L H H L A D V V L D P L A
G T R K R S I I L L T W Y S T P W R

Q P L A Q Q R H L H H A * R R R H T
S L Y L K S A I C T T R E G A A I R
A S T S S A P S A P P A S V Q P S A

CCG ACT CCA TCT CGA ACG ACC GCT ACG TCC ACC ACG CGA GTG GAC GCC GCT ACG
12105 12114 12123 12132 12141 12150
GGC TGA GGT AGA GCT TGC TGG CGA TGC AGG TGG TGC GCT CAC CTG CGG CGA TGC

G * G R A C W R C R W C A H L R R C
A E V E L A G D A G G A L T C G D A
L R * S L L A M Q V V R S P A A M R

R H D Q R G P Q I L D H P R N E G P
E I I K A D L S S L T T P A T R V Q
N S S R P T W A P Y P R P P P E * R

CAA GCT ACT AGA ACC GCA GGT CCG ACC TAT TCC AGC ACC CCC GCC AAG AGT GGA
12159 12168 12177 12186 12195 12204
GTT CGA TGA TCT TGG CGT CCA GGC TGG ATA AGG TCG TGG GGG CGG TTC TCA CCT

V R * S W R P G W I R S W G R F S P
F D D L G V Q A G * G R G G G S H L
S M I L A S R L D K V V G A V L T W

V G Q P F L A S L H R S R R P P V L
Y E R P S S H Q S T D L A G P R S W
T S G P P L T S L P T S L A P A P G

CCA TGA GGG ACC CCC TTC TCA CGA CTC TCC ACA GCT CTC GCG GCC CCG CCC TGG
12213 12222 12231 12240 12249 12258
GGT ACT CCC TGG GGG AAG AGT GCT GAG AGG TGT CGA GAG CGC CGG GGC GGG ACC

G T P W G K S A E R C R E R R G G T
V L P G G R V L R G V E S A G A G P
Y S L G E E C * E V S R A P G R D Q

C R R S V G K Y G V S T * W C Y H V
A G A A S E K T G L V R E G A T T S
P V P P Q S R Q V W C E N V L L L P

TCC GTG GCC GCC GAC TGA GGA AAC ATG GGT TGT GAG CAA GTG GTC GTC ATC ACC
12267 12276 12285 12294 12303 12312
AGG CAC CGG CGG CTG ACT CCT TTG TAC CCA ACA CTC GTT CAC CAG CAG TAG TGG

R H R R L T P L Y P T L V H Q Q * W
G T G G * L L C T Q H S F T S S S G
A P A A D S F V P N T R S P A V V D

K T * T G T A T R P C Q T T R A F P
K R E P A P R P E Q V N P Q E L L H
S E N L H R D R N K S M P N N S C I

TGA AAG CAA GTC CAC GGC CAG CGC CAA GAA CCT GTA ACC CAA CAA GCT CGT TTA
12321 12330 12339 12348 12357 12366
ACT TTC GTT CAG GTG CCG GTC GCG GTT CTT GGA CAT TGG GTT GTT CGA GCA AAT

T F V Q V P V A V L G H W V V R A N
L S F R C R S R F L D I G L F E Q M
F R S G A G R G S W T L G C S S K W

A P K P P R R G A S R V E R D H R D
P P N R P G A A P Q G S K V I M A T
P R T E P A Q P R S V P S * S * P P

CCC CGC CCA AAG CCC CCG GAC GCC GGC CGA CTG GCC TGA AGT GCT AGT ACC GCC
12375 12384 12393 12402 12411 12420
GGG GCG GGT TTC GGG GGC CTG CGG CCG GCT GAC CGG ACT TCA CGA TCA TGG CGG

G A G F G G L R P A D R T S R S W R
G R V S G A C G R L T G L H D H G G
G G F R G P A A G * P D F T I M A V

A L P Q S P E T T S A S R P T V A A
R L L S R R S P L Q P A G P H L P R
G C S A A V A R Y N L R E P T Y R G

AGG CGT TCT CCG ACG CTG CCG AGC CAT CAA CTC CGC GAG GCC CCA CAT TGC CGG
12429 12438 12447 12456 12465 12474
TCC GCA AGA GGC TGC GAC GGC TCG GTA GTT GAG GCG CTC CGG GGT GTA ACG GCC

S A R G C D G S V V E A L R G V T A
P Q E A A T A R * L R R S G V * R P
R K R L R R L G S * G A P G C N G R

D R A T A H G N R G R F R P Y C A D
M G R Q P T G T G A A F G R T V P (M) C2
C G A S H R A R E P R S V A P L L C

CGT AGG GCG CGA CAC CGC ACG GGC AAG GCC GGC GCT TTG GCG CCC ATT GTC CGT
12483 12492 12501 12510 12519 12528
GCA TCC CGC GCT GTG GCG TGC CCG TTC CGG CCG CGA AAC CGC GGG TAA CAG GCA

A S R A V A C P F R P R N R G * Q A
H P A L W R A R S G R E T A G N R H
I P R C G V P V P A A K P R V T G I

P R G S F E R S T V R H Q R R V P G
Q G A P F S A P R * A T N D A S P V
R A P R F V R P V D R P T T P P R S

AGA CCG GCC GGC CTT TTG AGC GCC CTG CAG TGC GCC ACA ACA GCC GCC TGC CCT

12537 12546 12555 12564 12573 12582
 TCT GGC CGG CCG GAA AAC TCG CGG GAC GTC ACG CGG TGT TGT CGG CGG ACG GGA

 S G R P E N S R D V T R C C R R T G
 L A G R K T R G T S R G V V G G R D
 W P A G K L A G R H A V L S A D G T

 S D H A G G V P S S I E K C T G T K
 R I M P A A S L V L F K R V R A R R
 G F * P R R R C S * F N G * V H G D

 GGG CTT AGT ACC CGC GGC GGC TGT CCT GAT CTT TAA AGG AAT GTG CAC GGG CAG
 12591 12600 12609 12618 12627 12636
 CCC GAA TCA TGG GCG CCG CCG ACA GGA CTA GAA ATT TCC TTA CAC GTG CCC GTC

 P E S W A P P T G L E I S L H V P V
 P N H G R R R Q D * K F P Y T C P S
 R I M G A A D R T R N F L T R A R L

 D E V G A F R H R P V L P S P M F I
 I R S A Q S D T A H F S H L R C S F
 * G R R R R I Q P T S R T S V A H F

 AAT AGG AGC TGC GGA CGC TTA GAC ACC GCA CCT TGC TCA CCT CTG CCG TAC TTT
 12645 12654 12663 12672 12681 12690
 TTA TCC TCG ACG CCT GCG AAT CTG TGG CGT GGA ACG AGT GGA GAC GGC ATG AAA

 L S S T P A N L W R G T S G D G (M) K X10
 Y P R R L R I C G V E R V E T A * K
 I L D A C E S V A W N E W R R H E N

 S T S C G V Q L R S V T R S P R P P
 R H A A A S R Y G P Y P A P R A R R
 D I H Q L R G T V Q I R H P V P A A

 TAG CTA CAC GAC GTC GGC TGG ACA TTG GAC CTA TGC CAC GCC CTG CCC GCG CCG
 12699 12708 12717 12726 12735 12744
 ATC GAT GTG CTG CAG CCG ACC TGT AAC CTG GAT ACG GTG CGG GAC GGG CGC GGC

 I D V L Q P T C N L D T V R D G R G
 S M C C S R P V T W I R C G T G A A
 R C A A A D L * P G Y G A G R A R R

 I K V Q T G G S G M R S N L I S C R
 F K * R P G G P A W G P I * Y A A G
 S N E G P D G R L G D Q F E I H Q V

 CCT TAA AAG TGG ACC CAG GGG GGC CTC GGG TAG GAC CTT AAG TTA TAC GAC GTG
 12753 12762 12771 12780 12789 12798
 GGA ATT TTC ACC TGG GTC CCC CCG GAG CCC ATC CTG GAA TTC AAT ATG CTG CAC

 G I F T W V P P E P I L E F N M L H
 E F S P G S P R S P S W N S I C C T
 N F H L G P P G A H P G I Q Y A A P

 Y G P F T R P R C * * G C K T S Y R
 T G P F P A R G A N D G A S Q R T G

Q V R S L H A A Q M I V R V K D L V

 GAC ATG GGC CCT TTC CAC GCG CCG GAC GTA ATA GTG GGC GTG AAA CAG CTC ATG
 12807 12816 12825 12834 12843 12852
 CTG TAC CCG GGA AAG GTG CGC GGC CTG CAT TAT CAC CCG CAC TTT GTC GAG TAC

 L Y P G K V R G L H Y H P H F V E Y
 C T R E R C A A C I I T R T L S S T
 V P G K G A R P A L S P A L C R V P

 S N T S P E P T S I V L S S A S S G
 A T R R P S P R A S * W P R R R L G
 Q Q E D L A R A H Q D G L V V G F V

 GAC GAC AAG CAG CTC CCG AGC CCG CAC GAC TAG TGG TTC CTG CTG CGG CTT CTG
 12861 12870 12879 12888 12897 12906
 CTG CTG TTC GTC GAG GGC TCG GGC GTG CTG ATC ACC AAG GAC GAC GCC GAA GAC

 L L F V E G S G V L I T K D D A E D
 C C S S R A R A C * S P R T T P K T
 A V R R G L G R A D H Q G R R R R P

 L Q L S S N M W T E R P T Q V L V G
 W S C L P I * G R R A R P R C W S A
 G V A F L F E D V D R A P D A G P R

 GGG TTG ACG TTT CTC CTT AAG TAG GTG CAG AGC GCG CCC CAG ACG TGG TCC TGC
 12915 12924 12933 12942 12951 12960
 CCC AAC TGC AAA GAG GAA TTC ATC CAC GTC TCG CGC GGG GTC TGC ACC AGG ACG

 P N C K E E F I H V S R G V C T R T
 P T A K R N S S T S R A G S A P G R
 Q L Q R G I H P R L A R G L H Q D A

 A P T M C E T W A M E D R V N M A M
 P R P * A S R G R W R T G S T * R W
 R G P D H V G D V G D R G Q R E D G

 GGC CGG CCC CAG TAC GTG AGG CAG GTG CGG TAG AGC AGG GAC TGC AAG TAG CGG
 12969 12978 12987 12996 13005 13014
 CCG GCC GGG GTC ATG CAC TCC GTC CAC GCC ATC TCG TCC CTG ACG TTC ATC GCC

 P A G V M H S V H A I S S L T F I A
 R P G S C T P S T P S R P * R S S P
 G R G H A L R P R H L V P D V H R H

 S V L G Q S S H S G G S T * T S G S
 A * W A R P R I R D A A P E P R A A
 H E G L G P V F A I R R Q N L D L R

 TAC GAG TGG TTC GGG ACC CTG CTT ACG CTA GGC GGC GAC CAA GTC CAG CTC GGC
 13023 13032 13041 13050 13059 13068
 ATG CTC ACC AAG CCC TGG GAC GAA TGC GAT CCG CCG CTG GTT CAG GTC GAG CCG

 M L T K P W D E C D P P L V Q V E P
 C S P S P G T N A I R R W F R S S R
 A H Q A L G R M R S A A G S G R A A

G C V S S R G H P D G H D A G P P E
 A A C A P A G T L T A T T P A P P N
 Q R V R Q L A R S P R R P R R R P T

 GAC GGC GTG TGC GAC CTC GCG GGC ACT CCC AGC GGC ACC AGC CGC GGC CCC CCA
 13077 13086 13095 13104 13113 13122
 CTG CCG CAC ACG CTG GAG CGC CCG TGA GGG TCG CCG TGG TCG GCG CCG GGG GGT

 L P H T L E R P * G S P W S A P G G
 C R T R W S A R E G R R G R R R G V
 A A H A G A P (V) R V A V V G A G G F X11

 D A R G D G P C Q T G R G N G H R T
 T P V A T V R A S P E A A M G T V R
 R R C P R * G P V P N R P W E R S A

 AGC AGC CGT GCC GGC AGT GGG CCC GTG ACC CAA GGC GCC GGT AAG GGC ACT GCG
 13131 13140 13149 13158 13167 13176
 TCG TCG GCA CGG CCG TCA CCC GGG CAC TGG GTT CCG CGG CCA TTC CCG TGA CGC

 S S A R P S P G H W V P R P F P * R
 R R H G R H P G T G F R G H S R D A
 V G T A V T R A L G S A A I P V T R

 G V V L L C A T A A G E V H Q D V R
 A L * S S A R R L P G K S T S T L A
 H W S R P P V G Y R G R R R A P * R

 CAC GGT TGA TGC TCC TCC GTG CGG CAT CGC CGG GGA AGC TGC ACG ACC AGT TGC
 13185 13194 13203 13212 13221 13230
 GTG CCA ACT ACG AGG AGG CAC GCC GTA GCG GCC CCT TCG ACG TGC TGG TCA ACG

 V P T T R R H A V A A P S T C W S T
 C Q L R G G T P * R P L R R A G Q R
 A N Y E E A R R S G P F D V L V N A

 G A G G P T V P G P L V G V V V A A
 A Q G E R R * Q A R C C G S S S R R
 P R G R G A N S P G A A G R R R G G

 GCC GGA CGG GGA GGG CCG CAA TGA CCC GGG CCG TCG TGG GGC TGC TGC TGG CGG
 13239 13248 13257 13266 13275 13284
 CGG CCT GCC CCT CCC GGC GTT ACT GGG CCC GGC AGC ACC CCG ACG ACG ACC GCC

 R P A P P G V T G P G S T P T T T A
 G L P L P A L L G P A A P R R R P P
 A C P S R R Y W A R Q H P D D D R R

 L R D V L G P R E K A V P L P V A E
 S V T S L V R A S R R S Q S H S R K
 R S P R C S G P A G E R S P T P G S

 CGC TCT GCC AGC TGT TCT GGG CCC GCG AGG AAG CGC TGA CCC TCA CCC TGG CGA
 13293 13302 13311 13320 13329 13338
 GCG AGA CGG TCG ACA AGA CCC GGG CGC TCC TTC GCG ACT GGG AGT GGG ACC GCT

A R R S T R P G R S F A T G S G T A
R D G R Q D P G A P S R L G V G P L
E T V D K T R A L L R D W E W D R F

D L D A G D G R A G L Q V G G V A P
T W I L V M E A R V W S S V G * P R
R G S * C W R R A C G A P C G R R G

AGC AGG TCT AGT CGT GGT AGA GGC GCG CGT GGG TCG ACC TGT GGG GGA TGC CGG
13347 13356 13365 13374 13383 13392
TCG TCC AGA TCA GCA CCA TCT CCG CGC GCA CCC AGC TGG ACA CCC CCT ACG GCC

S S R S A P S P R A P S W T P P T A
R P D Q H H L R A H P A G H P L R P
V Q I S T I S A R T Q L D T P Y G R

V P G L G L L E A R A M Q D D A Q A
F R A S A S S S Q A P W R T T R R P
S G P R P R P A R R P G D P R G G P

CCT TGG CCC GGC TCC GGC TCC TCG AGA CGC GCC CGG TAG ACC AGC AGG CGG ACC
13401 13410 13419 13428 13437 13446
GGA ACC GGG CCG AGG CCG AGG AGC TCT GCG CGG GCC ATC TGG TCG TCC GCC TGG

G T G P R P R S S A R A I W S S A W
E P G R G R G A L R G P S G R P P G
N R A E A E E L C A G H L V V R L G

G H V A V A V G L A N E D V D E F L
G M Y P S L L V L P T R M S M R S S
G W T R R C C C W P R E * R C G R L

CGG GGT ACA TGC CGC TGT CGT TGT GGT TCC CGC AAG AGT AGC TGT AGG AGC TTC
13455 13464 13473 13482 13491 13500
GCC CCA TGT ACG GCG ACA GCA ACA CCA AGG GCG TTC TCA TCG ACA TCC TCG AAG

A P C T A T A T P R A F S S T S S K
P H V R R Q Q H Q G R S H R H P R R
P M Y G D S N T K G V L I D I L E E

L G D V R V A L R A L A E R R D L P
C G T * A C P S D R W L K A G T S H
A A R R R A R R T A G S S R A P R T

TCG TCG GGC AGA TGC GCG TGC CGC TCA GCG CGG TCT CGA AGC GCG GCC AGC TCA
13509 13518 13527 13536 13545 13554
AGC AGC CCG TCT ACG CGC ACG GCG AGT CGC GCC AGA GCT TCG CGC CGG TCG AGT

S S P S T R T A S R A R A S R R S S
A A R L R A R R V A P E L R A G R V
Q P V Y A H G E S R Q S F A P V E W

A A A P H G G V E V G L P Q P L H P
H P P Q T A E W R S A S P S H S T P
T R R S P P R G G R R R P A T P P P

CCA CGC CGC CGA CCC ACC GGA GGG TGG AGC TGC GGC TCC CCG ACA CCC TCC ACC

13563 13572 13581 13590 13599 13608
 GGT GCG GCG GCT GGG TGG CCT CCC ACC TCG ACG CCG AGG GGC TGT GGG AGG TGG

 G A A A G W P P T S T P R G C G R W
 V R R L G G L P P R R R G A V G G G
 C G G W V A S H L D A E G L W E V G

 R P R R D A Q P L D P V R D T R T G
 A R V V T L R R S I L S A T P E R E
 P A S S P * G A P S * P R P R N A N

 CCC GCG CCT GCT GCC AGT CGG ACG CCC TCT AGT CCC TGC GCC AGC CAA GCG CAA
 13617 13626 13635 13644 13653 13662
 GGG CGC GGA CGA CGG TCA GCC TGC GGG AGA TCA GGG ACG CGG TCG GTT CGC GTT

 G R G R R S A C G R S G T R S V R V
 G A D D G Q P A G D Q G R G R F A F
 A R T T V S L R E I R D A V G S R S

 D E G A G A L V V L E G Q D A F G V
 T K A P A R L S S W N G R T L S G S
 R R R R R G C P R G T G G P * R V R

 TGC AGA AGC GGC CGC GGG CGT TCC TGC TGG TCA AGG GGG ACC AGT CGC TTG GGC
 13671 13680 13689 13698 13707 13716
 CCG TCT TCG CCG GCG CCC GCA AGG ACG ACC AGT TCC CCC TGG TCA GCG AAC CCG

 P S S P A P A R T T S S P W S A N P
 R L R R R P Q G R P V P P G Q R T R
 V F A G A R K D D Q F P L V S E P D

 P R V G C I D D A P E P G T A S C Q
 Q G S A A S T M P Q S L A R L R A S
 S A P R R L H * R S A * P G Y G L V

 TGA CCG GCC TGC GGC GTC TAC AGT AGC CGA CCG AGT CCC GGG CAT CGG CTC GTG
 13725 13734 13743 13752 13761 13770
 ACT GGC CGG ACG CCG CAG ATG TCA TCG GCT GGC TCA GGG CCC GTA GCC GAG CAC

 T G R T P Q M S S A G S G P V A E H
 L A G R R R C H R L A Q G P * P S T
 W P D A A D V I G W L R A R S R A L

 S S F * S C S R D S S R * R G N G S
 V P S D H A R G T V R G D D V T A P
 S Q L I M L V V P * E V T M S R Q R

 ACT GAC CTC TTA GTA CTC GTG CTG GCC AGT GAG CTG GCA GTA GCT GGC AAC GGC
 13779 13788 13797 13806 13815 13824
 TGA CTG GAG AAT CAT GAG CAC GAC CGG TCA CTC GAC CGT CAT CGA CCG TTG CCG

 * L E N H E H D R S L D R H R P L P
 D W R I (M) S T T G H S T V I D R C R
 T G E S * A R P V T R P S S T V A G

 R R C C R T A A R A R G R V A P G *
 D A V V G L Q Q G H E V E S R L G E

61

I Q S L V S N S G T S S R P G C A R
 CTA GAC GCT GTT GTG GCT CAA CGA CGG GCA CGA GCT GGA GCC TGG CGT CCG GGA
 13833 13842 13851 13860 13869 13878
 GAT CTG CGA CAA CAC CGA GTT GCT GCC CGT GCT CGA CCT CGG ACC GCA GGC CCT
 D L R Q H R V A A R A R P R T A G P
 I C D N T E L L P V L D L G P Q A L
 S A T T P S C C P C S T S D R R P S
 R R T G A S G R R P R A T R E A P A
 G A H E R P G A A L V H R V N R Q L
 V P T N G R V R P S S T G Y T G S S
 GTG GCC GCA CAA GGG CGC CTG GGC GCC GCT CCT GCA CGG CAT GCA AGG CGA CCT
 13887 13896 13905 13914 13923 13932
 CAC CGG CGT GTT CCC GCG GAC CCG CGG CGA GGA CGT GCC GTA CGT TCC GCT GGA
 H R R V P A D P R R G R A V R S A G
 T G V F P R T R G E D V P Y V P L E
 P A C S R G P A A R T C R T F R W S
 P A S S A R R N R V P A A A G C R R
 Q H A A R G A T A F Q H L Q A V G G
 S T R Q E G P P Q S S T C S R W V A
 CGA CCA CGC GAC GAG CGG GCC GCC AAC GCT TGA CCA CGT CGA CGC GGT GTG GCG
 13941 13950 13959 13968 13977 13986
 GCT GGT GCG CTG CTC GCC CGG CGG TTG CGA ACT GGT GCA GCT GCG CCA CAC CGC
 A G A L L A R R L R T G A A A P H R
 L V R C S P G G C E L V Q L R H T A
 W C A A R P A V A N W C S C A T P P
 S R G * T R R P S R S G T W G * G S
 V E A E H V A L A V A V P G A E V A
 S K P R M Y P S P * P * R D L R L R
 GCT GAA GCC GGA GTA CAT GCC GCT CCC GAT GCC GAT GGC CAG GTC GGA GTT GGC
 13995 14004 14013 14022 14031 14040
 CGA CTT CGG CCT CAT GTA CGG CGA GGG CTA CGG CTA CCG GTC CAG CCT CAA CCG
 R L R P H V R R G L R L P V Q P Q P
 D F G L M Y G E G Y G Y R S S L N R
 T S A S C T A R A T A T G P A S T A
 W P P G G A R C P R R W * R G P R G
 G H R V V Q A A L D G G D G A Q D V
 E M A S W R R P L T A A M V P R T S
 GAG GTA CCG CCT GGT GGA CGC GCC GTT CCA GCG GCG GTA GTG GCC GGA CCA GCT
 14049 14058 14067 14076 14085 14094
 CTC CAT GGC GGA CCA CCT GCG CGG CAA GGT CGC CGC CAT CAC CGG CCT GGT CGA
 L H G G P P A R Q G R R H H R P G R
 S M A D H L R G K V A A I T G L V D
 P W R T T C A A R S P P S P A W S T

R G R R G P R P C R C C R R C G A P
E A G A V Q D H V D A A V V A G Q Q
R P G P S R T T S M P L L S P V R S

GGA GCC GGG GCC GCT GGA CCA GCA CCT GTA GCC GTC GTT GCT GCC GTG GGA CGA
14103 14112 14121 14130 14139 14148
CCT CGG CCC CGG CGA CCT GGT CGT GGA CAT CGG CAG CAA CGA CGG CAC CCT GCT

P R P R R P G R G H R Q Q R R H P A
L G P G D L V V D I G S N D G T L L
S A P A T W S W T S A A T T A P C W

P R G R R R A G G P R L P G R R W R
R G V G G V P G A Q D S H V G G G G
A A * G A S P G R R T P T S G A A V

CCG CCG GAT GGG GCG GCT GCC CGG GGC GGA CCA GCC TCA CCT GGG GCG GCG GTG
14157 14166 14175 14184 14193 14202
GGC GGC CTA CCC CGC CGA CGG GCC CCG CCT GGT CGG AGT GGA CCC CGC CGC CAC

G G L P R R R A P P G R S G P R R H
A A Y P A D G P R L V G V D P A A T
R P T P P T G P A W S E W T P P P P

R R R T R G A P R R A S G R S R R M
D E G R G V R R A D L Q D G V E E C
T K A A D * G G P T S S I G S K K A

GCA GAA GCG GCG CAG GAT GGG CGG CCC GCA GCT CGA CTA GGG GCT GAA GAA GCG
14211 14220 14229 14238 14247 14256
CGT CTT CGC CGC GTC CTA CCC GCC GGG CGT CGA GCT GAT CCC CGA CTT CTT CGC

R L R R V L P A G R R A D P R L L R
V F A A S Y P P G V E L I P D F F A
S S P R P T R R A S S * S P T S S H

R G A R R A G R W P R * R S R S T R
V V Q E A P A A G L D D G R D R H E
Y S R S P P R R A L T T V E I A I N

TAT GCT GGA CGA GCC GCC CGC GGC GCG GTT CCA GCA GTG GAG CTA GCG CTA CAA
14265 14274 14283 14292 14301 14310
ATA CGA CCT GCT CGG CGG GCG CCG CGC CAA GGT CGT CAC CTC GAT CGC GAT GTT

I R P A R R A P R Q G R H L D R D V
Y D L L G G R R A K V V T S I A M F
T T C S A G A A P R S S P R S R C S

R G A A D W P T * A P P R G G A S P
V V Q R T G H L E H P L D A A Q Q R
* S R G R G M S N M R S T P R R S V

GAT GCT GGA CGG CGC AGG GTA CCT CAA GTA CGC CCT CCA GCC GGC GGA CGA CTG
14319 14328 14337 14346 14355 14364
CTA CGA CCT GCC GCG TCC CAT GGA GTT CAT GCG GGA GGT CGG CCG CCT GCT GAC

L R P A A S H G V H A G G R P P A D
 Y D L P R P M E F M R E V G R L L T
 T T C R V P W S S C G R S A A C * R

 R R C R P S R A S S D A R S A G R R
 V V A D P H G L L A I Q G R H E V G
 S S P M Q T V S C L * R G A I S W A

 CCT GCT GCC GTA GAC CCA CTG GCT CGT CTC GAT AGA CGG GCG CTA CGA GGT GCG
 14373 14382 14391 14400 14409 14418
 GGA CGA CGG CAT CTG GGT GAC CGA GCA GAG CTA TCT GCC CGC GAT GCT CCA CGC

 G R R H L G D R A E L S A R D A P R
 D D G I W V T E Q S Y L P A M L H A
 T T A S G * P S R A I C P R C S T P

 R R R R P R G R A G P S S R A A G S
 A G V V H D A V L V Q V V V P Q A L
 Q A * S T T Q W S C R S * * P S R W

 GAC GCG GAT GCT GCA CCA GAC GGT GCT CGT GGA CCT GAT GAT GCC CGA CGC GGT
 14427 14436 14445 14454 14463 14472
 CTG CGC CTA CGA CGT GGT CTG CCA CGA GCA CCT GGA CTA CTA CGG GCT GCG CCA

 L R L R R G L P R A P G L L R A A P
 C A Y D V V C H E H L D Y Y G L R Q
 A P T T W S A T S T W T T T G C A R

 R T S P R A C R G S P P P H R A S G
 D L P H G L A G A Q L H H I G L Q G
 I S H I A S R V P R F T T S A S S V

 CTA GCT CAC CTA CCG GCT CGC GTG GCC GGA CTT CCA CCA CCT ACG GCT CGA CTG
 14481 14490 14499 14508 14517 14526
 GAT CGA GTG GAT GGC CGA GCG CAC CGG CCT GAA GGT GGT GGA TGC CGA GCT GAC

 D R V D G R A H R P E G G G C R A D
 I E W M A E R T G L K V V D A E L T
 S S G W P S A P A * R W W M P S * P

 R R R R F G R A R A P G G R S R E G
 G D V A S A E R E H Q G A A A G R A
 G T * P P L R E S T S A R R P E E R

 GGG GCA GAT GCC GCC TTC GGA GAG CGA GCA CGA CCG GGC GGC GCC GAG GAG AGC
 14535 14544 14553 14562 14571 14580
 CCC CGT CTA CGG CGG AAG CCT CTC GCT CGT GCT GGC CCG CCG CGG CTC CTC TCG

 P R L R R K P L A R A G P P R L L S
 P V Y G G S L S L V L A R R G S S R
 P S T A E A S R S C W P A A A P L A

 P * R A P A P G C G R R L S P G A R
 L D V L R R Q G A D A G S L R V Q G
 W T L S G A S A R M R A P S V S R G

 GGT CCA GTT GCT CGG CCG CGA CCG GGC GTA GGC GCG GCC TCT CTG CCT GGA CGG

14589 14598 14607 14616 14625 14634
 CCA GGT CAA CGA GCC GGC GCT GGC CCG CAT CCG CGC CGG AGA GAC GGA CCT GCC

 P G Q R A G A G P H P R R R D G P A
 Q V N E P A L A R I R A G E T D L P
 R S T S R R W P A S A P E R R T C P

 R P T R G A S R P T G H G V G P I G
 V R L E G P P G L L G T V S E Q F E
 * A S N A R R V S S D R S R S R S N

 GAT GCG CCT CAA GCG GGC CGC CTG GCT CCT CAG GGC ACT GGC TGA GGA CCT TAA
 14643 14652 14661 14670 14679 14688
 CTA CGC GGA GTT CGC CCG GCG GAC CGA GGA GTC CCG TGA CCG ACT CCT GGA ATT

 L R G V R P A D R G V P * P T P G I
 Y A E F A R R T E E S R D R L L E F
 T R S S P G G P R S P V T D S W N S

 * R R A P C P A A C G Q S R R R S S
 E G G R P V L P Q V G K A V A G R R
 R V A E R S L P S C V R P * P A E V

 GA GTG GCG GAG CGC CCT GTT CCC CGA CGT GTG GGA ACC GAT GCC GCG GAG CTG
 14697 14706 14715 14724 14733 14742
 CCT CAC CGC CTC GCG GGA CAA GGG GCT GCA CAC CCT TGG CTA CGG CGC CTC GAC

 P H R L A G Q G A A H P W L R R L D
 L T A S R D K G L H T L G Y G A S T
 S P P R G T R G C T P L A T A P R R

 P C R * G A T S R G P R S A G A R C
 L A V D D Q L V A A Q V L R E Q G A
 F P L T M R C Y Q P R S S V S R G Q

 CTT CCC GTT GCA GTA GGA CGT CAT GAC GCC GGA CCT GCT CTG CGA GGA CGG GAC
 14751 14760 14769 14778 14787 14796
 GAA GGG CAA CGT CAT CCT GCA GTA CTG CGG CCT GGA CGA GAC GCT CCT GCC CTG

 E G Q R H P A V L R P G R D A P A L
 K G N V I L Q Y C G L D E T L L P C
 R A T S S C S T A A W T R R S C P A

 R R P S R P C T R S S C A R C S C G
 D G L H V L V L E A A V R G A R V D
 M A S T F S S L N P Q * V G P V F M

 GTA GCG GCT CCA CTT GCT CCT GTT CAA GCC GAC GAT GTG CGG GCC GTG CTT GTA
 14805 14814 14823 14832 14841 14850
 CAT CGC CGA GGT GAA CGA GGA CAA GTT CGG CTG CTA CAC GCC CGG CAC GAA CAT

 H R R G E R G Q V R L L H A R H E H
 I A E V N E D K F G C Y T P G T N I
 S P R * T R T S S A A T R P A R T S

 S R R R P P P G P A Q A R G T G P G
 R D D G L L L G P R K L G V L E Q D

G	I	T	E	S	S	S	A	R	A	S	S	G	S	W	N	R	T
GGG	CTA	GCA	GAG	GCT	CCT	CCT	CCG	GGC	CCG	CGA	ACT	CGG	GCT	GGT	CAA	GGA	CCA
	14859				14868			14877			14886			14895			14904
CCC	GAT	CGT	CTC	CGA	GGA	GGA	GGC	CCG	GGC	GCT	TGA	GCC	CGA	CCA	GTT	CCT	GGT
P	D	R	L	R	G	G	G	P	G	A	*	A	R	P	V	P	G
P	I	V	S	E	E	E	A	R	A	L	E	P	D	Q	F	L	V
R	S	S	P	R	R	R	P	G	R	L	S	P	T	S	S	W	S
G	T	S	R	G	P	R	S	P	R	G	P	V	R	S	G	P	R
E	R	P	D	V	P	V	R	H	D	G	P	F	A	V	E	Q	G
R	G	H	I	*	R	S	A	I	T	A	R	S	R	S	K	R	A
GGA	GGG	CAC	CTA	GAT	GGC	CCT	GCG	CTA	CCA	GCG	GGC	CCT	TGC	GCT	GAA	GGA	CCG
	14913				14922			14931			14940			14949			14958
CCT	CCC	GTG	GAT	CTA	CCG	GGA	CGC	GAT	GGT	CGC	CCG	GGA	ACG	CGA	CTT	CCT	GGC
P	P	V	D	L	P	G	R	D	G	R	P	G	T	R	L	P	G
L	P	W	I	Y	R	D	A	M	V	A	R	E	R	D	F	L	A
S	R	G	S	T	G	T	R	W	S	P	G	N	A	T	S	W	P
R	L	C	G	P	R	E	A	A	W	A	P	L	Q	T	I	P	H
G	S	A	A	Q	D	K	R	Q	G	R	Q	F	N	H	S	R	T
E	P	P	L	R	T	K	G	S	G	V	S	S	T	T	H	D	P
GAG	GCC	TCC	GTC	GGA	CCA	GAA	AGG	CGA	CGG	GTG	CGA	CCT	TCA	ACA	CAC	TAG	CCC
	14967				14976			14985			14994			15003			15012
CTC	CGG	AGG	CAG	CCT	GGT	CTT	TCC	GCT	GCC	CAC	GCT	GGA	AGT	TGT	GTG	ATC	GGG
L	R	R	Q	P	G	L	S	A	A	H	A	G	S	C	V	I	G
S	G	G	S	L	V	F	P	L	P	T	L	E	V	V	*	S	G
P	E	A	A	W	S	F	R	C	P	R	W	K	L	C	D	R	(V) 7
R	L	H	C	R	A	A	G	G	A	H	K	G	H	A	Q	Q	R
A	S	T	V	D	R	P	V	V	R	T	S	A	T	H	R	S	D
P	P	P	S	M	A	R	C	W	G	R	A	Q	R	T	G	A	T
ACC	GCC	TCC	ACT	GTA	GCG	CGC	CGT	GGT	GGG	CGC	ACG	AAC	GGC	ACA	CGG	ACG	ACA
	15021				15030			15039			15048			15057			15066
GGG	CGG	AGG	TGA	CAT	CGC	GCG	GCA	CCA	CCC	GCG	TGC	TTG	CCG	TGT	GCC	TGC	TGT
W	R	R	*	H	R	A	A	P	P	A	C	L	P	C	A	C	C
G	G	G	D	I	A	R	H	H	P	R	A	C	R	V	P	A	V
A	E	V	T	S	R	G	T	T	R	V	L	A	V	C	L	L	S
H	Q	R	Q	Q	G	R	G	Q	Q	Q	P	V	A	G	R	A	L
T	S	G	S	S	A	A	A	R	S	S	H	C	P	V	V	P	L
P	A	A	A	A	P	R	P	G	A	A	T	A	R	C	W	P	C
GCC	ACG	ACG	GCG	ACG	ACC	GGC	GCC	GGG	ACG	ACG	ACA	CCG	TGC	CGT	GGT	GCC	CGT
	15075				15084			15093			15102			15111			15120
CGG	TGC	TGC	CGC	TGC	TGG	CCG	CGG	CCC	TGC	TGC	TGT	GGC	ACG	GCA	CCA	CGG	GCA
R	C	C	R	C	W	P	R	P	C	C	C	G	T	A	P	R	A
G	A	A	A	A	G	R	G	P	A	A	V	A	R	H	H	G	Q
V	L	P	L	L	A	A	A	L	L	L	W	H	G	T	T	G	K

V V R R S G A G P T G R R P I R R M
S S A D R G P E P L A V G P S A G C
P R R T A V R S R S H W A P P H A A

TCC TGC TGC GCA GCG CTG GGC CGA GGC CCT CAC GGT GCG GCC CCC TAC GCG GCG
15129 15138 15147 15156 15165 15174
AGG ACG ACG CGT CGC GAC CCG GCT CCG GGA GTG CCA CGC CGG GGG ATG CGC CGC

R T T R R D P A P G V P R R G M R R
G R R V A T R L R E C H A G G C A A
D D A S R P G S G S A T P G D A P H

D L R P P Q Q E G E G H H H G D R P
T S A H R N S S A R A T T T A T A R
H R P T A T A A R G R R P P P R R A

TAC AGC TCC GCA CCG CCA ACG ACG AGC GGG AGC GGC ACC ACC ACC GGC AGC GCG
15183 15192 15201 15210 15219 15228
ATG TCG AGG CGT GGC GGT TGC TGC TCG CCC TCG CCG TGG TGG TGG CCG TCG CGC

M S R R G G C C S P S P W W W P S R
C R G V A V A A R P R R G G G R R A
V E A W R L L L A L A V V V A V A R

G A S R Q D A P V Q A L W A H H A L
A Q P A S T P R C K P W G R T T P S
P R R L A P R G A S P G A V R P P R

CCC GGA CGC CTC GCG ACC AGC CGG CCG TGA ACC CGG TCG GTG CGC ACC ACC CGC
15237 15246 15255 15264 15273 15282
GGG CCT GCG GAG CGC TGG TCG GCC GGC ACT TGG GCC AGC CAC GCG TGG TGG GCG

G P A E R W S A G T W A S H A W W A
G L R S A G R P A L G P A T R G G R
A C G A L V G R H L G Q P R V V G E

H D G P D N E A R R H E A E D S G P
I I E P I T R P G E T S P R T A G P
S S R R S R E R G K P A R G R R E R

TCT ACT AGA GGC CCT AGC AAG AGC CGG GAA GCC ACG AGC CGG AGC AGC GAG GGC
15291 15300 15309 15318 15327 15336
AGA TGA TCT CCG GGA TCG TTC TCG GCC CTT CGG TGC TCG GCC TCG TCG CTC CCG

R * S P G S F S A L R C S A S S L P
D D L R D R S R P F G A R P R R S R
M I S G I V L G P S V L G L V A P G

D V V G E E G G G E V G V E I E D G
T W S A R K G A A R W E * R S R T A
P G R R G R G R R G G S R G R D R R

CCC AGG TGC TGC GGG AGA AGG GGC GGC GGG AGG TGA GGA TGG AGC TAG AGC AGC
15345 15354 15363 15372 15381 15390
GGG TCC ACG ACG CCC TCT TCC CCG CCG CCC TCC ACT CCT ACC TCG ATC TCG TCG

G S T T P S S P P S T P T S I S S
 G P R R P L P R R P P L L P R S R R
 V H D A L F P A A L H S Y L D L V A

 L D P Q R Q E H E Q D A H L E T V G
 W I P S A S N M N R I P M S N P S V
 G S R A P A T * T G S R C P T R H C

 GGG TCT AGC CCG ACC GCG ACA AGT ACA AGG ACT AGC CGT ACC TCA AGC CAC TGT
 15399 15408 15417 15426 15435 15444
 CCC AGA TCG GGC TGG CGC TGT TCA TGT TCC TGA TCG GCA TGG AGT TCG GTG ACA

 P R S G W R C S C S * S A W S S V T
 P D R A G A V H V P D R H G V R * H
 Q I G L A L F M F L I G M E F G D T

 V M F A R A A G P G G H S D D A D A
 W W S P A P R V P A A T P I T P T Q
 G G H L R P G C R P R R P F R R R R

 GGG TGG TAC TTC CGC GCC CGG CGT GGC CCC GGC GGC ACC CTT AGC AGC CGC AGA
 15453 15462 15471 15480 15489 15498
 CCC ACC ATG AAG GCG CGG GCC GCA CCG GGG CCG CCG TGG GAA TCG TCG GCG TCT

 P T M K A R A A P G P P W E S S A S
 P P * R R G P H R G R R G N R R R L
 H H E G A G R T G A A V G I V G V C

 H R E G E A T S Q S V R Q V G A V G
 T D N A R P Q A R P Y A S Y V P * A
 R T T R G R S H E P I R A T C R S R

 CGC ACA GCA AGC GGG AGC CGA CAC GAG ACC CTA TGC GCG ACA TGT GGC CGA TGC
 15507 15516 15525 15534 15543 15552
 GCG TGT CGT TCG CCC TCG GCT GTG CTC TGG GAT ACG CGC TGT ACA CCG GCT ACG

 A C R S P S A V L W D T R C T P A T
 R V V R P R L C S G I R A V H R L R
 V S F A L G C A L G Y A L Y T G Y A

 R V A D A E Q R E G E E Q A D G H A
 G S P T P K R G N V R K R P M A M L
 G P R R R S G A T * G R G P C R W S

 GGG GCC TGC CGC AGC CGA AGG ACG GCA AGT GGG AGA AGG ACC CGT AGC GGT ACT
 15561 15570 15579 15588 15597 15606
 CCC CGG ACG GCG TCG GCT TCC TGC CGT TCA CCC TCT TCC TGG GCA TCG CCA TGA

 P R T A S A S C R S P S S W A S P *
 P G R R R L P A V H P L P G H R H E
 P D G V G F L P F T L F L G I A M S

 H G G E G H Q R P Q Q H F A P H E L
 T V A K G T S A R S S I S R P I S W
 R S R R G R A P A A A S P V R S A G

 CGC ACT GGC GGA AGG GGC ACG ACC GCG CCG ACG ACT ACC TTG CGC CCT ACG AGG

15615 15624 15633 15642 15651 15660
 GCG TGA CCG CCT TCC CCG TGC TGG CGC GGC TGC TGA TGG AAC GCG GGA TGC TCC

 A * P P S P C W R G C * W N A G C S
 R D R L P R A G A A D G T R R D A P
 V T A F P V L A R L L M E R G M L Q

 G P R A G V G D H P G G G G I E G A
 D R A P V * A M T P A A V A S R A Q
 T G P P C R R W R P P R W R R D R R

 TCA GGG CCC GCC CGT GGA TGC GGT AGC ACC CCC GGC GGT GGC GGC TAG AGC GGA
 15669 15678 15687 15696 15705 15714
 AGT CCC GGG CGG GCA CCT ACG CCA TCG TGG GGG CCG CCA CCG CCG ATC TCG CCT

 S P G R A P T P S W G P P P P I S P
 V P G G H L R H R G G R H R R S R L
 S R A G T Y A I V G A A T A D L A C

 P Q Q E R T E D G Q Q A A T R G Q A
 Q S S S A P R T A R N R P P E G R P
 S A A A R P D R R G T A R R N A G P

 TGA CCG ACG ACG AGC GCC CAG AGC AGC GGG ACA ACG CGC CGC CAA GCG GGG ACC
 15723 15732 15741 15750 15759 15768
 GCT GGC TGC TGC TCG CGG GTC TCG TCG CCC TGT TGC GCG GCG GTT CGC CCC TGG

 A G C C S R V S S P C C A A V R P W
 L A A A R G S R R P V A R R F A P G
 W L L L A G L V A L L R G G S P L G

 H Q A G E R E G R D E E A D H H H E
 T S R V R A S V A T K K P T M T T S
 R A A C G R A * R P R R R R * P P A

 CGC ACG ACG CGT GGG AGC GCG AGT GGC GCC AGA AGA AGC CGC AGT ACC ACC ACG
 15777 15786 15795 15804 15813 15822
 GCG TGC TGC GCA CCC TCG CGC TCA CCG CGG TCT TCT TCG GCG TCA TGG TGG TGC

 A C C A P S R S P R S S S A S W W C
 R A A H P R A H R G L L R R H G G A
 V L R T L A L T A V F F G V M V V L

 D A G G Q S A D Q L P R L A P Q G V
 T R G A K R R T R S R G S R R S G S
 R G G R R A V R G P A A P A G A A R

 AGC AGG CGG GGC GGA ACG CTG CGC AGG ACC TCG CCG GCC TCG CGG CCG ACG GGC
 15831 15840 15849 15858 15867 15876
 TCG TCC GCC CCG CCT TGC GAC GCG TCC TGG AGC GGC CGG AGC GCC GGC TGC CCG

 S S A P P C D A S W S G R S A G C P
 R P P R L A T R P G A A G A P A A R
 V R P A L R R V L E R P E R R L P D

 A A H E C Q D D G A D Q Q G R D G G
 P P T S V S I M G P T R S D A T A V

R R R A * V S * G R R G A T R P R W

TGC CGC CGC ACG AGT GTG ACT AGT AGG GGC CGC AGG ACG ACA GGC GCC AGC GGT
15885 15894 15903 15912 15921 15930
ACG GCG GCG TGC TCA CAC TGA TCA TCC CCG GCG TCC TGC TGT CCG CGG TCG CCA

T A A C S H * S S P A S C C P R S P
R R R A H T D H P R R P A V R G R H
G G V L T L I I P G V L L S A V A T

L E Y A D M E D E A G E Q E A G D A
S S M P M W R M K P A K R N P A M Q
R A * L C G D * R R R R G T R R W R

GGC TCG AGT ATC CGT AGG TAG AGT AGA AGC CGC GGA AGG ACA AGC CGC GGT AGA
15939 15948 15957 15966 15975 15984
CCG AGC TCA TAG GCA TCC ATC TCA TCT TCG GCG CCT TCC TGT TCG GCG CCA TCT

P S S * A S I S S S A P S C S A P S
R A H R H P S H L R R L P V R R H L
E L I G I H L I F G A F L F G A I C

R L G R R G Q R V G A A F Q L F E D
G F V A G A R A S A R P L S C S S T
G S S R A P G P P R G R C V A P V R

CGG GCT TCT GGC GCG GCC GGG ACC GCC TGC GGG CGC CGT TTG ACG TCC TTG AGC
15993 16002 16011 16020 16029 16038
GCC CGA AGA CCG CGC CGG CCC TGG CGG ACG CCC GCG GCA AAC TGC AGG AAC TCG

A R R P R R P W R T P A A N C R N S
P E D R A G P G G R P R Q T A G T R
P K T A P A L A D A R G K L Q E L V

G G Y Q Q R R E E G R D A Q L G V Q
V A T S N G G N K A E T P R F V S R
* R R V T A A T R R R P R G S S R G

AGT GGC GGC ATG ACA ACG GCG GCA AGA AGC GGA GCC AGC CGG ACT TCT GGC TGG
16047 16056 16065 16074 16083 16092
CA CCG CCG TAC TGT TGC CGC CGT TCT TCG CCT CGG TCG GCC TGA AGA CCG ACC

S P P Y C C R R S S P R S A * R P T
H R R T V A A V L R L G R P E D R P
T A V L L P P F F A S V G L K T D L

Q L E A P A A A G Q P H P G A D G Q
S C S P R P P P A R H T H A P T A R
A A V R G P R R R G T P T P R R R G

ACG ACG TTG AGC CGG CCC CGC CGC CGC GGG ACA CCC ACA CCC GGC CGC AGC GGG
16101 16110 16119 16128 16137 16146
TGC TGC AAC TCG GCC GGG GCG GCG GCG CCC TGT GGG TGT GGG CCG GCG TCG CCC

C C N S A G A A A P C G C G P A S P
A A T R P G R R R P V G V G R R R P
L Q L G R G G G A L W V W A G V A L

Q H G D D A F Q R A A R R C R R Q H
 S T A T T P L S A P L A A A A S I
 A P P R R R C V P P C R P P L P A S

 ACG ACC ACC GGC AGC AGC CGT TTG ACC GCC CGT CGC GCC GCC GTC GCC GCG ACT
 16155 16164 16173 16182 16191 16200
 TGC TGG TGG CCG TCG TCG GCA AAC TGG CGG GCA GCG CGG CGG CAG CGG CGC TGA

 C W W P S S A N W R A A R R Q R R *
 A G G R R R Q T G G Q R G G S G A D
 L V A V V G K L A G S A A A A A L M

 R H L A D V G Q A D A H E H V A A S
 D T S R T S A R R M P T S M F Q R P
 T P P A R R R G A C R R A * S S G R

 ACA GCC ACC TCG CGC AGC TGC GGG ACG CGT AGC CGC ACG AGT ACT TGA CGG CGC
 16209 16218 16227 16236 16245 16254
 TGT CGG TGG AGC GCG TCG ACG CCC TGC GCA TCG GCG TGC TCA TGA ACT GCC GCG

 C R W S A S T P C A S A C S * T A A
 V G G A R R R P A H R R A H E L P R
 S V E R V D A L R I G V L M N C R G

 Q G F Q H D E G D P E F E A D Q C G
 S V S S T I R V M P S S S P T R V G
 V S R V P S G * W R A R V R R G S V

 CTG ACT GGC TTG ACC ACT AGG AGT GGT AGC CCG AGC TTG AGC CGC AGG ACT GTG
 16263 16272 16281 16290 16299 16308
 GAC TGA CCG AAC TGG TGA TCC TCA CCA TCG GGC TCG AAC TCG GCG TCC TGA CAC

 D * P N W * S S P S G S N S A S * H
 T D R T G D P H H R A R T R R P D T
 L T E L V I L T I G L E L G V L T P

 R Q E G H Q D D D G Q A G G D H G R
 A N N V M S T M T V R H A V T M V A
 R T T * W A P * R * G T R W R * S R

 GGC GCA ACA AGT GGT ACG ACC AGT AGC AGT GGG ACA CGC GGT GGC AGT ACT GGC
 16317 16326 16335 16344 16353 16362
 CCG CGT TGT TCA CCA TGC TGG TCA TCG TCA CCC TGT GCG CCA CCG TCA TGA CCG

 P R C S P C W S S S P C A P P S * P
 R V V H H A G H R H P V R H R H D R
 A L F T M L V I V T L C A T V M T A

 R Q E V Q E V A G L R A G R G G T C
 G S S S R S S R A S A R V A G A R V
 A A A R G A R G R R P A C R A R G Y

 GCG GCG ACG AGC TGG ACG AGC TGG CGC GGC TCC GCG CGT GGC GCG GGC GGG CAT
 16371 16380 16389 16398 16407 16416
 CGC CGC TGC TCG ACC TGC TCG ACC GCG CCG AGG CGC GCA CCG CGC CCG CCC GTA

R R C S T C S T A P R R A P R P P V
A A A R P A R P R R G A H R A R P Y
P L L D L L D R A E A R T A P A R T

F R T G D N A S S P A A F E A R S I
F A L E T T R Q R R H P S N Q G P F
L L S N R R E S V V T R R I R G P F

GTT TTC GCT CAA GGC AGC AAG CGA CTG CTG CCA CGC CGC TTA AGA CGG GCC CTT
16425 16434 16443 16452 16461 16470
CAA AAG CGA GTT CCG TCG TTC GCT GAC GAC GGT GCG GCG AAT TCT GCC CGG GAA

Q K R V P S F A D D G A A N S A R E
K S E F R R S L T T V R R I L P G K
K A S S V V R * R R C G E F C P G N

G S R T * T I G E L I G V F R Q S H
A P A P R P S E R L F V S L V S V I
H R L P D L H N G * S Y R C F A S *

TAC GGC CTC GCC CAG ATC CAC TAA GGG AGT TCT TAT GGC TGT TTT GCG ACT GAT
16479 16488 16497 16506 16515 16524
ATG CCG GAG CGG GTC TAG GTG ATT CCC TCA AGA ATA CCG ACA AAA CGC TGA CTA

M P E R V * V I P S R I P T K R * L
C R S G S R * F P Q E Y R Q N A D Y
A G A G L G D S L K N T D K T L T M

D D F S H L D T R A P D L L G S F L
I T L L I C I R A R R T W Y A Q F C
S R * F F A S G H A G P G T L R F V

ACT AGC AGT TTT CTT ACG TCT AGG CAC GCG CGG CCC AGG TCA TTC GGA CTT TTG
16533 16542 16551 16560 16569 16578
TGA TCG TCA AAA GAA TGC AGA TCC GTG CGC GCC GGG TCC AGT AAG CCT GAA AAC

* S S K E C R S V R A G S S K P E N
D R Q K N A D P C A P G P V S L K T
I V K R M Q I R A R R V Q * A * K Q

S T P Q H L Y G V Q V D T S E A D E
P P P N T C I A S R Y M P A R P T K
P L H T P A S L R G T C R H E R R R

TCC CTC CAC CCA ACC ACG TCT ATC GGC TGG ACA TGT AGC CAC GAG AGC CGC AGA
16587 16596 16605 16614 16623 16632
AGG GAG GTG GGT TGG TGC AGA TAG CCG ACC TGT ACA TCG GTG CTC TCG GCG TCT

R E V G W C R * P T C T S V L S A S
G R W V G A D S R P V H R C S R R L
G G G L (V) Q I A D L Y I G A L G V F

Y R R T H A D F P G H F A A E I R G
T G G H T L T S H A T S R P R * G A
R V A T H S R R I P R P V R G R D P

AGC ATG GCG GCA CAC ACT CGC AGC TTA CCC GGC ACC TTG CGC CGG AGA TAG GCC

16641 16650 16659 16668 16677 16686
 TCG TAC CGC CGT GTG TGA GCG TCG AAT GGG CCG TGG AAC GCG GCC TCT ATC CGG

 S Y R R V * A S N G P W N A A S I R
 R T A V C E R R M G R G T R P L S G
 V P P C V S V E W A V E R G L Y P A

 F L G L C V L E A P D G Y G A V D G
 S S A S A C S S P P T A M A P S T G
 R L P R P V R A R R P R W L R R R G

 GGC TTC TCC GGC TCC GTG TGC TCG AGC CGC CCC AGC GGT ATC GGC CGC TGC AGG
 16695 16704 16713 16722 16731 16740
 CCG AAG AGG CCG AGG CAC ACG AGC TCG GCG GGG TCG CCA TAG CCG GCG ACG TCC

 P K R P R H T S S A G S P * P A T S
 R R G R G T R A R R G R H S R R R P
 E E A E A H E L G G V A I A G D V P

 R R F H G Q P R R L L R H L P P A S
 G G S I A K R A A C C A T F L H P P
 G E P F P R A P P A A P P S S T P R

 G GAG GCC TTT ACC GGA ACG CCC GCC GCG TCG TCC GCC ACT TCT CCA CCC CGC
 16749 16758 16767 16776 16785 16794
 CCC CTC CGG AAA TGG CCT TGC GGG CGG CGC AGC AGG CGG TGA AGA GGT GGG GCG

 P L R K W P C G R R S R R * R G G A
 P S G N G L A G G A A G G E E V G R
 P P E M A L R A A Q Q A V K R W G G

 R R R F E I Q Q Q I R A G P V L A R
 D G V S N S R S S Y A L V Q C W P G
 I A S P I R D A A T H S C R A G P G

 CTA GCG GCT GCC TTA AGC TAG ACG ACG ACA TAC GCT CGT GGA CCG TGG TCC CGG
 16803 16812 16821 16830 16839 16848
 GAT CGC CGA CGG AAT TCG ATC TGC TGC TGT ATG CGA GCA CCT GGC ACC AGG GCC

 R R R N S I C C C M R A P G T R A
 I A D G I R S A A V C E H L A P G P
 S P T E F D L L L Y A S T W H Q G P

 V A P R G L C V Q L P V Q H A P V H
 S P Q G G W A Y R C R C R T P P S M
 P R S A A G P M G A A A G P P R P C

 GCC TGC CGA CCG GCG GGG TCC GTA TGG ACG TCG CCG TGG ACC ACC CGC CCC TGT
 16857 16866 16875 16884 16893 16902
 CGG ACG GCT GGC CGC CCC AGG CAT ACC TGC AGC GGC ACC TGG TGG GCG GGG ACA

 R T A G R P R H T C S G T W W A G T
 G R L A A P G I P A A A P G G R G H
 D G W P P Q A Y L Q R H L V G G D M

 E G Q L D P L A A V A H E A R Q F E
 S A R S I L C P Q L P T N L A S S S

A R G P S * A P S C R R T * R A P V

 ACG AGC GGG ACC TCT AGT CCG TCC CGA CGT TGC CGC ACA AGT CGC GCG ACC TTG
 16911 16920 16929 16938 16947 16956
 TGC TCG CCC TGG AGA TCA GGC AGG GCT GCA ACG GCG TGT TCA GCG CGC TGG AAC

 C S P W R S G R A A T A C S A R W N
 A R P G D Q A G L Q R R V Q R A G T
 L A L E I R Q G C N G V F S A L E L

 G D A V Q L G I R V A G A R Q D D G
 A T P * R C A S G F R V L A S I T A
 R R R S G A P R D S G C W R A S R R

 AGC GGC AGC CGA TGG ACG TCC GGC TAG GCT TGG CGT GGT CGC GCG ACT AGC AGC
 16965 16974 16983 16992 17001 17010
 TCG CCG TCG GCT ACC TGC AGG CCG ATC CGA ACC GCA CCA GCG CGC TGA TCG TCG

 S P S A T C R P I R T A P A R * S S
 R R R L P A G R S E P H Q R A D R R
 A V G Y L Q A D P N R T S A L I V A

 G V V V S R R Q D V P P P H A G A E
 A S L * P V G S I S R H R I P G P K
 R R C S R F A A S R G T A S P G R S

 GGC GGC TGT TGA TGC CTT GCG GCG ACT AGC TGG CCA CCG CCT ACC CGG GGC CGA
 17019 17028 17037 17046 17055 17064
 CCG CCG ACA ACT ACG GAA CGC CGC TGA TCG ACC GGT GGC GGA TGG GCC CCG GCT

 P P T T T E R R * S T G G G W A P A
 R R Q L R N A A D R P V A D G P R L
 A D N Y G T P L I D R W R M G P G F

 D A A I R E R G P A A L P G A E G P
 M P P S A S G G Q H Q L R G P K A R
 * R R R H A G A R T S C A A R S R G

 AGT AGC CGC CGC TAC GCG AGG GCG GGA CCA CGA CGT TCG CCG GGC CGA AGC GGG
 17073 17082 17091 17100 17109 17118
 CCA TCG GCG GCG ATG CGC TCC CGC CCT GGT GCT GCA AGC GGC CCG GCT TCG CCC

 S S A A M R S R P G A A S G P A S P
 H R R R C A P A L V L Q A A R L R P
 I G G D A L P P W C C K R P G F A R

 E A R H G G L P Q R L D L R Q V A T
 S Q E T A E L P S G S I S D S C R P
 A R S P P R W P A A P S R T A A G R

 CCG AGA CGA GCC ACC GGA GGT TCC CCG ACG GCC TCT AGC TCA GCG ACG TGG CGC
 17127 17136 17145 17154 17163 17172
 GGC TCT GCT CGG TGG CCT CCA AGG GGC TGC CGG AGA TCG AGT CGC TGC ACC GCG

 G S A R W P P R G C R R S S R C T A
 A L L G G L Q G A A G D R V A A P R
 L C S V A S K G L P E I E S L H R G

V L R Q E R R A D G P A T G G V E A
S S G N N G G L M V R P R A V S K L
H R A T T G A S C * G P G H W R S *

CAC TGC TCG GCA ACA AGG GCG GCT CGT AGT GGG CCC CGG CAC GGT GGC TGA AGT
17181 17190 17199 17208 17217 17226
GTG ACG AGC CGT TGT TCC CGC CGA GCA TCA CCC GGG GCC GTG CCA CCG ACT TCA

V T S R C S R R A S P G A V P P T S
* R A V V P A E H H P G P C H R L Q
D E P L F P P S I T R G R A T D F S

G T D A L L E G G A A G G E N R H G
A R I P W C N A V R L G A K T A I A
R G Y R G A T R W G C G R R R Q S P

CGC GGG CAT AGC CGG TCG TCA AGC GGT GGG CGT CGG GGC GGA AGC AAC GCT ACC
17235 17244 17253 17262 17271 17280
GCG CCC GTA TCG GCC AGC AGT TCG CCA CCC GCA GCC CCG CCT TCG TTG CGA TGG

A P V S A S S S P P A A P P S L R W
R P Y R P A V R H P Q P R L R C D G
A R I G Q Q F A T R S P A F V A M A

L N L V M H H V H G L A G Q G P G A
S I * S W I I S T A S R A R A P A P
R S E P G Y S P R P R A R G P R P R

GGC TCT AAG TCC TGG TAT ACT ACC TGC ACC GGC TCG CGC GGG ACC GGC CCC GGC
17289 17298 17307 17316 17325 17334
CCG AGA TTC AGG ACC ATA TGA TGG ACG TGG CCG AGC GCG CCC TGG CCG GGG CCG

P R F R T I * W T W P S A P W P G P
R D S G P Y D G R G R A R P G R G R
E I Q D H M M D V A E R A L A G A G

D P H R V D G A D G E H V I V R L P
M P I A S T A R T E K M F * * A F H
C R S P P R R G R R R * S S D R S T

CGT AGC CCT ACC GCC TGC AGC GGG CGC AGA GGA AGT ACT TGA TAG TGC GCT TCA
17343 17352 17361 17370 17379 17388
GCA TCG GGA TGG CGG ACG TCG CCC GCG TCT CCT TCA TGA ACT ATC ACG CGA AGT

A S G W R T S P A S P S * T I T R S
H R D G G R R P R L L H E L S R E V
I G M A D V A R V S F M N Y H A K W

R A T S F P P R P P A A T G T W T P
D L L A S H R G P P H R Q G P G R P
T S C H Q I A A Q P T G S D R D V H

CCA GCT CGT CAC GAC TTA CCG CCG GAC CCC CCA CGG CGA CAG GGC CAG GTG CAC
17397 17406 17415 17424 17433 17442
GGT CGA GCA GTG CTG AAT GGC GGC CTG GGG GGT GCC GCT GTC CCG GTC CAC GTG

G R A V L N G G L G G A A V P V H V
 V E Q C * M A A W G G V P L S R S T W
 S S S A E W R P G G C R C P G P R G
 I R G P S R G S A P G A V M Q Q G H
 F E A P L D A V Q P A L S W R S D M
 S N P R S I P W K R P W R G D A T W

 CCT TAA GCC GGC CCT CTA GCC GGT GAA CGC CCC GGT CGC TGG TAG ACG ACA GGT
 17451 17460 17469 17478 17487 17496
 GGA ATT CGG CCG GGA GAT CGG CCA CTT GCG GGG CCA GCG ACC ATC TGC TGT CCA

 G I R P G D R P L A G P A T I C C P
 E F G R E I G H L R G Q R P S A V H
 N S A G R S A T C G A S D H L L S M

 F V D Y P G T L E G G A V V D Q L E
 S C M T R V P S S A G P S W T R C S
 P V C R V S R H A R G R R G R G A V

 ACC TTG TGT AGC ATG CCT GGC CAC TCG AGC GGG GGC CGC TGG TGC AGG ACG TTG
 17505 17514 17523 17532 17541 17550
 TGG AAC ACA TCG TAC GGA CCG GTG AGC TCG CCC CCG GCG ACC ACG TCC TGC AAC

 W N T S Y G P V S S P P A T T S C N
 G T H R T D R * A R P R R P R P A T
 E H I V R T G E L A P G D H V L Q L

 G R G R A Q H H G A G D K L N E F R
 A V A G P R T T D L A T R * T R S D
 R W P G P G P P T W R R G E P E R I

 AGC GGT GCC GGG GCC CGG ACC ACC ACA GGT CGC GGC AGG AAG TCC AAG AGC TTA
 17559 17568 17577 17586 17595 17604
 TCG CCA CGG CCC CGG GCC TGG TGG TGT CCA GCG CCG TCC TTC AGG TTC TCG AAT

 S P R P R A W W C P A P S F R F S N
 R H G P G P G G V Q R R P S G S R I
 A T A P G L V V S S A V L Q V L E S

 R V P V F S S Y R C R R V S Y A R S
 G S Q S S H H I G A V V F P I H G H
 A P S P R I I F V P L S S R F I G T

 GCG GCC TGA CCC TGC TTA CTA CTT ATG GCC GTT GCT GCT TGC CTT ATA CGG GCA
 17613 17622 17631 17640 17649 17658
 CGC CGG ACT GGG ACG AAT GAT GAA TAC CGG CAA CGA ACG GAA TAT GCC CGT

 R R T G T N D E Y R Q R R T E Y A R
 A G L G R M M N T G N D E R N M P V
 P D W D E * * I P A T T N G I C P * M

 I G Q D G P P S G R E P P R P R S R
 Y G K I A R R V G E R R H G H D P D
 I D R S R G A S E R E G T A T T P I

 CTA TAG GGA ACT AGC GGG CCG CCT GAG GGA GAG AGG CCA CCG GCA CCA GCC CTA

17667 17676 17685 17694 17703 17712
 GAT ATC CCT TGA TCG CCC GGC GGA CTC CCT CTC TCC GGT GGC CGT GGT CGG GAT

 D I P * S P G G L P L S G G R G R D
 I S L D R P A D S L S P V A V V G I
 Y P L I A R R T P S L R W P W S G S

 I G T G R H H * S A R R I R P G T S
 S A P E G T T D V R G A F E P V Q Q
 P H R N G P P T L E G P S N Q S R N

 GCC TAC GGC CAA GGG GCC ACC ACA GTT GAG CGG GCC GCT TAA GAC CCT GGA CAA
 17721 17730 17739 17748 17757 17766
 CGG ATG CCG GTT CCC CGG TGG TGT CAA CTC GCC CGG CGA ATT CTG GGA CCT GTT

 R M P V P R W C Q L A R R I L G P V
 G C R F P G G V N S P G E F W D L L
 D A G S P V V S T R P A N S G T C *

 P R V C C R R R S A G R G S P L T G
 R G S A V G D A L H G G V A P F L V
 V A P R L V T P S I G G S R Q S S Y

 CTG CCG GCC TGC GTT GTG GCA GCC GCT CTA CGG GGG GCT GGC GAC CCT TCT CAT
 17775 17784 17793 17802 17811 17820
 GAC GGC CGG ACG CAA CAC CGT CGG CGA GAT GCC CCC CGA CCG CTG GGA AGA GTA

 D G R T Q H R R R D A P R P L G R V
 T A G R N T V G E M P P D R W E E Y
 R P D A T P S A R C P P T A G K S T

 P S R D A T R H P A A S P S E S R C
 P V E T R P E I R R Q P R R N A G A
 R S K P G R N S A A S R V A I R E P

 GGC CCT GAA GCC AGG CGC CAA GCT ACG CCG CGA CGC CTG CCG CTA AGC GAG GCC
 17829 17838 17847 17856 17865 17874
 CCG GGA CTT CGG TCC GCG GTT CGA TGC GGC GCT GCG GAC GGC GAT TCG CTC CGG

 P G L R S A V R C G A A D G D S L R
 R D F G P R F D A A L R T A I R S G
 G T S V R G S M R R C G R R F A P A

 N G P R R C L P N R R R T R R C R A
 T E Q V V V Y R T E V G L E E A D R
 L K R S S S M A P K S A S N K P M E

 GTC AAA GGA CCT GCT GCT GTA TCG CCC AAA GCT GCG GCT CAA GAA GCC GTA GAG
 17883 17892 17901 17910 17919 17928
 CAG TTT CCT GGA CGA CGA CAT AGC GGG TTT CGA CGC CGA GTT CTT CGG CAT CTC

 Q F P G R R H S G F R R R V L R H L
 S F L D D D I A G F D A E F F G I S
 V S W T T T * R V S T P S S S A S R

 A R P R A S P G A A A G S A P P P R
 R A L G L Q H V R L L A Q H Q L H G

G R S A S S I S G C C R R I S S T A
 CGG CGC GCT CCG GCT CGA CTA CCT GGG CGT CGT CGC GGA CTA CGA CCT CCA CCG
 17937 17946 17955 17964 17973 17982
 GCC GCG CGA GGC CGA GCT GAT GGA CCC GCA GCA GCG CCT GAT GCT GGA GGT GGC
 A A R G R A D G P A A A P D A G G G
 P R E A E L M D P Q Q R L M L E V A
 R A R P S * W T R S S A * C W R W P
 A P V P A R P C G A A C G P L S R C
 P L C Q L V R A D R R V G Q C P G V
 Q C A S S C A P M G G C V R A P V S
 GAC CGT CCG TGA CCT CGT GCG CCC GTA GGG CGG CGT GTG GGA CCG TCC CTG GCT
 17991 18000 18009 18018 18027 18036
 CTG GCA GGC ACT GGA GCA CGC GGG CAT CCC GCC GCA CAC CCT GGC AGG GAC CGA
 L A G T G A R G H P A A H P G R D R
 W Q A L E H A G I P P H T L A G T D
 G R H W S T R A S R R T P W Q G P T
 R H T R R P R C R R S H R R V A P L
 G T H E G P D A G V V I A G S P Q F
 V P T N A P T Q V * S * P A P R S S
 GTG GCC ACA CAA GCG GCC CCA GAC GTG GAT GCT GAT ACC GCG GCC TGC CGA CCT
 18045 18054 18063 18072 18081 18090
 CAC CGG TGT GTT CGC CGG GGT CTG CAC CTA CGA CTA TGG CGC CGG ACG GCT GGA
 H R C V R R G L H L R L W R R T A G
 T G V F A G V C T Y D Y G A G R L E
 P V C S P G S A P T T M A P D G W K
 G A S C R R M S P S R R P P T R R T
 V Q R V D V C P R P D A R R H A G H
 S R G F M S A H V P I P A A T H A T
 TCT GGA CGG CTT GTA GCT GCG TAC CTG CCC CTA GCC GCG CCG CCA CAC GCG GCA
 18099 18108 18117 18126 18135 18144
 AGA CCT GCC GAA CAT CGA CGC ATG GAC GGG GAT CGG CGC GGC GGT GTG CGC CGT
 R P A E H R R M D G D R R G G V R R
 D L P N I D A W T G I G A A V C A V
 T C R T S T H G R G S A R R C A P C
 W G R R E R A R G A R A W G R W R C
 G V A D R V R E V Q A P G A E G D V
 D L R T E * A S S R R P G L R E M S
 CAG GTT GGC GCA GAG AGT GCG CGA GCT GGA CGC GCC CGG GTC GGA GAG GTA GCT
 18153 18162 18171 18180 18189 18198
 GTC CAA CCG CGT CTC TCA CGC GCT CGA CCT GCG CGG GCC CAG CCT CTC CAT CGA
 V Q P R L S R A R P A R A Q P L H R
 S N R V S H A L D L R G P S L S I D
 P T A S L T R S T C A G P A S P S T

R T S P R G P P A A C R R A S G A A
 G R A R G G Q H R Q V G G R L A Q P
 V A H E A E R T A S C V A A C L R R

 GTG GCG CAC GAG CCG GAG GGA CCA CCG CGA CGT GTG GCG GCG CGT CTC GGA CGC
 18207 18216 18225 18234 18243 18252
 CAC CGC GTG CTC GGC CTC CCT GGT GGC GCT GCA CAC CGC CGC GCA GAG CCT GCG

 H R V L G L P G G A A H R R A E P A
 T A C S A S L V A L H T A A Q S L R
 P R A R P P W W R C T P P R R A C G

 R R T C R P A P R P R * G A P T V P
 E A L A G H R Q G P A D V Q Q H * R
 S P S H V T A S A P P T L R S T D G

 CGA GCC GCT CAC GTG GCA CCG CGA CCG GCC CCC GCA GTT GGA CGA CCA CAG TGG
 18261 18270 18279 18288 18297 18306
 GCT CGG CGA GTG CAC CGT GGC GCT GGC CGG GGG CGT CAA CCT GCT GGT GTC ACC

 A R R V H R G A G R G R Q P A G V T
 L G E C T V A L A G G V N L L V S P
 S A S A P W R W P G A S T C W C H R

 G S S R G P C P R R A P A R R G S C
 A L R D G Q A R G A R Q R G V A P A
 P W V I A R P V A P A S A G S P R L

 CCC GGT CTG CTA GCG GGA CCC GTG CCG GCC GCG CGA CCG CGG GCT GCC GGC CTC
 18315 18324 18333 18342 18351 18360
 GGG CCA GAC GAT CGC CCT GGG CAC GGC CGG CGC GCT GGC GCC CGA CGG CCG GAG

 G P D D R P G H G R R A G A R R P E
 G Q T I A L G T A G A L A P D G R S
 A R R S P W A R P A R W R P T A G A

 A T R R T P R V S R R Q R T P R R S
 L R E G R R G S A V G N G R R G V A
 L G N A A D A P R * A T A A D A S P

 GTT CGG CAA GCG GCG CAG CCG GCC TGC GAT GCG GCA ACG GCG CAG CCG GCT GCC
 18369 18378 18387 18396 18405 18414
 CAA GCC GTT CGC CGC GTC GGC CGG ACG CTA CGC CGT TGC CGC GTC GGC CGA CGG

 Q A V R R V G R T L R R C R V G R R
 K P F A A S A G R Y A V A A S A D G
 S R S P R R P D A T P L P R R P T A

 R G R R P S R R A P * * A A S P R R
 V A A A L A A A H Q D D L Q Q R V G
 * P R P S P Q P T S T M L S S V S A

 GAT GCC GGC GCC GCT CCC GAC GCC GCA CGA CCA GTA GTT CGA CGA CTG CCT GCG
 18423 18432 18441 18450 18459 18468
 CTA CGG CCG CGG CGA GGG CTG CGG CGT GCT GGT CAT CAA GCT GCT GAC GGA CGC

L R P R R G L R R A G H Q A A D G R
 Y G R G E G C G V L V I K L L T D A
 T A A A R A A A C W S S S C * R T P

 V R R H G P A P P A A R C R T * G P
 Y A V T V P H Q R H Q A A A R E V L
 T R S P S R T S A T S R P L A N L W

 GCA TGC GCT GCC ACT GGC CCA CGA CCG CCA CGA CGC GCC GTC GCG CAA GTT GGT
 18477 18486 18495 18504 18513 18522
 CGT ACG CGA CGG TGA CCG GGT GCT GGC GGT GCT GCG CGG CAG CGC GTT CAA CCA

 R T R R * P G A G G A A R Q R V Q P
 V R D G D R V L A V L R G S A F N Q
 Y A T V T G C W R C C A A A R S T R

 R A C W R C * P G R R A P G P A R *
 V P A G V A D H G G A P L G L L V D
 S P R V L P M M A G Q P C A W S C T

 CCT GCC CGC GTG GTT GCC GTA GTA CCG GGG GAC GCC CGT CCG GGT CCT CGT GCA
 18531 18540 18549 18558 18567 18576
 GGA CGG GCG CAC CAA CGG CAT CAT GGC CCC CTG CGG GCA GGC CCA GGA GCA CGT

 G R A H Q R H H G P L R A G P G A R
 D G R T N G I M A P C G Q A Q E H V
 T G A P T A S W P P A G R P R S T S

 S A R G S P R P R R Q R C R Q S R R
 H P A G Q R G R A D S G V G N V E D
 M L R A R V A A P T A A S V T S K T

 GTA CTC CGC GCG GGA CTG CCG GCG CCC GCA GCG ACG GCT GTG GCA ACT GAA GCA
 18585 18594 18603 18612 18621 18630
 CAT GAG GCG CGC CCT GAC GGC CGC GGG CGT CGC TGC CGA CAC CGT TGA CTT CGT

 H E A R P D G R G R R C R H R * L R
 M R R A L T A A G V A A D T V D F V
 * G A P * R P R A S L P T P L T S S

 P G R C R Y G G R R G W P S R R S R
 L G V A G T G A E A V G H L D A R D
 S A W P V P V R R P S G M S I P A I

 GCT CCG GGT GCC GTG GCC ATG GGC GGA GCC GCT GGG GTA CCT CTA GCC GCG CTA
 18639 18648 18657 18666 18675 18684
 CGA GGC CCA CGG CAC CGG TAC CCG CCT CGG CGA CCC CAT GGA GAT CGG CGC GAT

 R G P R H R Y P P R R P H G D R R D
 E A H G T G T R L G D P M E I G A I
 R P T A P V P A S A T P W R S A R S

 R R R R V H G S R D P A T R P R T P
 G G D V S T V A G T L L R A R D P R
 A A T * P R S R E P * S G H A T P D

 GCG GCG GCA GAT GCC TGC ACT GGC GAG GCC AGT CCT CGG CAC GCG CCA GCC CAG

18693 18702 18711 18720 18729 18738
 CGC CGC CGT CTA CGG ACG TGA CCG CTC CGG TCA GGA GCC GTG CGC GGT CGG GTC

 R R R L R T * P L R S G A V R G R V
 A A V Y G R D R S G Q E P C A V G S
 P P S T D V T A P V R S R A R S G R

 S T W C R A D P P P R R P R R P * *
 H L G V D P M Q L P G G P D G P D D
 T F D L M P C R S P A A P T A P T M

 CCA CTT CAG GTT GTA GCC CGT AGA CCT CCC CCG GCG GCC CCA GCG GCC CCA GTA
 18747 18756 18765 18774 18783 18792
 GGT GAA GTC CAA CAT CGG GCA TCT GGA GGG GGC CGC CGG GGT CGC CGG GGT CAT

 G E V Q H R A S G G G R R G R R G H
 V K S N I G H L E G A A G V A G V I
 * S P T S G I W R G P P G S P G S S

 P S G R G R R P G S G P W G A P R R
 L R D E G E V L V P D R G A Q Q V A
 L A I R A R S S S R I G A L R S S P

 GGT CCG CTA GGA GCG GGA GCT GCT CCT GGC CTA GGG CCG GTC GGA CGA CCT GCC
 18801 18810 18819 18828 18837 18846
 CAA GGC GAT CCT CGC CCT CGA CGA GGA CCG GAT CCC GGC CAG CCT GCT GGA CGG

 Q G D P R P R R G P D P G Q P A G R
 K A I L A L D E D R I P A S L L D G
 R R S S P S T R T G S R P A C W T A

 G S G R S R S P R G R C G A P S G P
 V R V G L D V P G A E V D P Q R G P
 S G F G S I S Q A P R S M R S A V R

 GCT GGG CTT GGG GCT CTA GCT GAC CCG GCC GGA GCT GTA GGC CGA CCG CTG GGC
 18855 18864 18873 18882 18891 18900
 CGA CCC GAA CCC CGA GAT CGA CTG GGC CGG CCT CGA CAT CCG GCT GGC GAC CCG

 R P E P R D R L G R P R H P A G D P
 D P N P E I D W A G L D I R L A T R
 T R T P R S T G P A S T S G W R P G

 G A T A R A D A G G G P P Q T R N R
 G Q R P G L T R V G A P R S H G T E
 A R G H G S R G C G R R A A T D P K

 CCG GGA CGG CAC CGG GCT CGC AGG CGT GGG GGC GGC CCG CCG ACA CAG GCC AAA
 18909 18918 18927 18936 18945 18954
 GGC CCT GCC GTG GCC CGA GCG TCC GCA CCC CCG CCG GGC GGC TGT GTC CGG TTT

 G P A V A R A S A P P P G G C V R F
 A L P W P E R P H P R R A A V S G F
 P C R G P S V R T P A G R L C P V S

 S R R C R P G H P G R V P A W R A R
 A V A A G H G M H D E F L R G G R G

P * P P V T A W T T R S C A G V A G
GCC GAT GCC GCC GTG GCA CCG GGT ACA CCA GGA GCT TGT CCG CGG GTG GCG CGG
18963 18972 18981 18990 18999 19008
CGG CTA CGG CGG CAC CGT GGC CCA TGT GGT CCT CGA ACA GGC GCC CAC CGC GCC
R L R R H R G P C G P R T G A H R A
G Y G G T V A H V V L E Q A P T A P
A T A A P W P M W S S N R R P P R P
G G R A P A P R F G T G P T R P R G
G A G R R L R G S G Q E R H G R G G
A R G A G S G A P V R N G T D A A E
GCG GGC GGG GCG CGG CCT CGG CCG GCC TTG GGA CAA GGG CCA CAG GCG CCG GAG
19017 19026 19035 19044 19053 19062
CGC CCG CCC CGC GCC GGA GCC GGC CGG AAC CCT GTT CCC GGT GTC CGC GGC CTC
R P P R A G A G R N P V P G V R G L
A R P A P E P A G T L F P V S A A S
P A P R R S R P E P C S R C P R P P
P P A G H G R P R A R R A P R P P R
R L R E T V A R G R E G L P D L L A
G S A S R S R A A A S A S R T S S P
GGG CCT CCG CGA GGC ACT GGC GCG CCG GCG CGA GCG GCT CGC CCA GCT CCT CCC
19071 19080 19089 19098 19107 19116
CCC GGA GGC GCT CCG TGA CCG CGC GGC CGC GCT CGC CGA GCG GGT CGA GGA GGG
P G G A P * P R G R A R R A G R G G
P E A L R D R A A A L A E R V E E G
R R R S V T A R P R S P S G S R R A
Q G P R P R A C G P G D A T G A P G
S V Q G R D P V G Q G M P L G R Q D
A S R A E T P C V R A W R C D G S T
GCG ACT GGA CCG GAG CCA GCC CGT GTG GGA CCG GGT AGC CGT CAG GGG CGA CCA
19125 19134 19143 19152 19161 19170
CGC TGA CCT GGC CTC GGT CGG GCA CAC CCT GGC CCA TCG GCA GTC CCC GCT GGT
R * P G L G R A H P G P S A V P A G
A D L A S V G H T L A H R Q S P L V
L T W P R S G T P W P I G S P R W S
G P P R R P S R G P R V P R R A A R
V P R G D H R G A P V F Q G G P Q A
W R A A T T A V P R S S S A A P S R
GGT GGC CCG CCG GCA GCA CCG CTG GCC GGC CCT GCT TGA CCG GCG GCC CGA CGC
19179 19188 19197 19206 19215 19224
CCA CCG GGC GGC CGT CGT GGC GAC CGG CCG GGA CGA ACT GGC CGC CGG GCT GCG
P P G G R R G D R P G R T G R R A A
H R A A V V A T G R D E L A A G L R
T G R P S W R P A G T N W P P G C A

A P W E P V R A R D R * R P R A A P
 R Q G S L F G R G T E D G P G R Q R
 A S A V * S G A G P R T V P A A S G

 GCG CGA CCG GTG AGT CCT TGG GCG CGG GCC AGA GCA GTG GCC CCG GCG CGA CGG
 19233 19242 19251 19260 19269 19278
 CGC GCT GGC CAC TCA GGA ACC CGC GCC CGG TCT CGT CAC CGG GGC CGC GCT GCC

 R A G H S G T R A R S R H R G R A A
 A L A T Q E P A P G L V T G A A L P
 R W P L R N P R P V S S P G P R C R

 H R G D R R P T R P D R T G T P R S
 I G A T G D P H E R T V P G L P G P
 S A P R G T Q T N E P * P D W H A P

 CCT ACG GCC GGC AGG GCA GAC CCA CAA GAG CCC AGT GCC CAG GGT CAC CCG GCC
 19287 19296 19305 19314 19323 19332
 GGA TGC CGG CCG TCC CGT CTG GGT GTT CTC GGG TCA CGG GTC CCA GTG GGC CGG

 G C R P S R L G V L G S R V P V G R
 D A G R P V W V F S G H G S Q W A G
 M P A V P S G C S R V T G P S G P G

 P G R V A P L R A P R R R P S R R V
 H A A F Q Q F G L R D E G L H D V F
 I P R S S S S A S G T K A S T I S S

 CTA CCC GGC GCT TGA CGA CCT TCG GCT CGG CCA GAA GCG GCT CCA CTA GCT GCT
 19341 19350 19359 19368 19377 19386
 GAT GGG CCG CGA ACT GCT GGA AGC CGA GCC GGT CTT CGC CGA GGT GAT CGA CGA

 D G P R T A G S R A G L R R G D R R
 M G R E L L E A E P V F A E V I D E
 W A A N C W K P S R S S P R * S T N

 P A P T * P P S R T R A G A S A A P
 Q L R H E L L L D P E R G P L H Q Q
 S S G T N L S S I P N E G R C I S S

 TGA CCT CGG CCA CAA GTT CCT CCT CTA GCC CAA GAG CGG GGC CGT CTA CGA CGA
 19395 19404 19413 19422 19431 19440
 ACT GGA GCC GGT GTT CAA GGA GGA GAT CGG GTT CTC GCC CCG GCA GAT GCT GCT

 T G A G V Q G G D R V L A P A D A A
 L E P V F K E E I G F S P R Q M L L
 W S R C S R R R S G S R P G R C C W

 P R G C R P R R R G S W S R R S A A
 L A V V G L D V A G L G H D E R H L
 S P S W V S T S P A W V M I K A I C

 CCT CCC GCT GGT GTG GCT CCA GCT GCC GCG GGT CTG GTA CTA GAA GCG CTA CGT
 19449 19458 19467 19476 19485 19494
 GGA GGG CGA CCA CAC CGA GGT CGA CGG CGC CCA GAC CAT GAT CTT CGC GAT GCA

G G R P H R G R R P D H D L R D A
 E G D H T E V D G A Q T M I F A M Q
 R A T T P R S T A P R P * S S R C S

 R A R R A T A T V P R R A R R R * R
 E P E G R Q P P * P A D L G G G D D
 S P S A A S H R D R P T S G A A T M

 CGA GCC CGA GCG GCG CGA CAC CGC CAG TGC CCC GCA GCT CGG GCG GCG GCA GTA
 19503 19512 19521 19530 19539 19548
 GCT CGG GCT CGC CGC GCT GTG GCG GTC ACG GGG CGT CGA GCC CGC CGC CGT CAT

 A R A R R A V A V T G R R A R R R H
 L G L A A L W R S R G V E P A A V I
 S G S P R C G G H G A S S P P P S S

 G S P R H S R R R R * R R P A S R S
 A V R D T L D G G G D G G P R Q G H
 P W E T P S I A A A T V A P A S V T

 GCC GGT GAG CCA GCC ACT CTA GCG GCG GCG GCA GTG GCG GCC CCG CGA CTG GCA
 19557 19566 19575 19584 19593 19602
 CGG CCA CTC GGT CGG TGA GAT CGC CGC CGC CGT CAC CGC CGG GGC GCT GAC CGT

 R P L G R * D R R R R H R R G A D R
 G H S V G E I A A A V T A G A L T V
 A T R S V R S P P P S P P G R * P *

 R R P G A S R G Y T A A A A R P R P
 G V P G P Q D A T P R Q Q Q A L G R
 V S P A R S I Q R L D S S S R S A A

 CTG GCT GCC CCG GGC CGA CTA GAC GGC ATC CAG CGA CGA CGA CGC GCT CCG GCG
 19611 19620 19629 19638 19647 19656
 GAC CGA CGG GGC CCG GCT GAT CTG CCG TAG GTC GCT GCT GCT GCG CGA GGC CGC

 D R R G P A D L P * V A A A A R G R
 T D G A R L I C R R S L L L R E A A
 P T G P G * S A V G R C C C A R P R

 A H R S P S P * D A R R R P R R A A
 P T A R H R H D T Q G E V L G G L P
 P R P A I A I T L R G K S S A A S R

 CCC CGC ACC GCG CTA CCG CTA CCA GTC AGA CGG GAA GCT GCT CCG GCG GCT CGC
 19665 19674 19683 19692 19701 19710
 GGG GCG TGG CGC GAT GGC GAT GGT CAG TCT GCC CTT CGA CGA GGC CGC CGA GCG

 G A W R D G D G Q S A L R R G R R A
 G R G A M A M V S L P F D E A A E R
 G V A R W R W S V C P S T R P P S G

 R P C H R P P R P W R T R S S T W R
 E R A I V R H D R G D R G R R R G G
 S A P L S A T T A A M A D E V V D V

 CGA GCG CCC GTT ACT GCG CCA CCA GCG CCG GTA GCG CAG GAG CTG CTG CAG GTG

19719				19728				19737				19746				19755				19764			
GCT	CGC	GGG	CAA	TGA	CGC	GGT	GGT	CGC	GGC	CAT	CGC	GTC	CTC	GAC	GAC	GTC	CAC						

A	R	G	Q	*	R	G	G	R	G	H	R	V	L	D	D	V	H						
L	A	G	N	D	A	V	V	A	A	I	A	S	S	T	T	S	T						
S	R	A	M	T	R	W	S	R	P	S	R	P	R	R	R	P	P						

S	R	R	H	G	R	R	P	R	S	P	R	R	G	S	S	R	R						
H	D	G	T	V	G	A	L	D	L	L	D	D	A	A	P	G	V						
T	I	E	P	S	G	P	S	T	S	F	T	T	P	R	Q	V	S						

GCA	CTA	GAG	GCC	ACT	GGG	GCC	GCT	CCA	GCT	CTT	CCA	GCA	GCC	GGC	GAC	CTG	GCT						
19773				19782				19791				19800				19809				19818			
CGT	GAT	CTC	CGG	TGA	CCC	CGG	CGA	GGT	CGA	GAA	GGT	CGT	CGG	CCG	CTG	GAC	CGA						

R	D	L	R	*	P	R	R	G	R	E	G	R	R	P	L	D	R						
V	I	S	G	D	P	G	E	V	E	K	V	V	G	R	W	T	D						
*	S	P	V	T	P	A	R	S	R	R	S	S	A	A	G	P	T						

P	A	P	R	V	A	P	R	R	R	R	P	R	G	C	G	A	C						
L	P	Q	D	Y	P	P	D	G	G	V	H	G	E	V	A	R	V						
S	P	S	T	T	R	R	T	A	E	S	T	A	K	W	L	G	C						

GCT	CCC	CGA	CCA	GCA	TGC	CGC	CCA	GCG	GAG	GCT	GCA	CCG	GAA	GGT	GTC	GGG	CGT						
19827				19836				19845				19854				19863				19872			
CGA	GGG	GCT	GGT	CGT	ACG	GCG	GGT	CGC	CTC	CGA	CGT	GGC	CTT	CCA	CAG	CCC	GCA						

R	G	A	G	R	T	A	G	R	L	R	R	G	L	P	Q	P	A						
E	G	L	V	V	R	R	V	A	S	D	V	A	F	H	S	P	H						
R	G	W	S	Y	G	G	S	P	P	T	W	P	S	T	A	R	T						

P	G	G	A	R	G	A	A	R	P	R	R	R	A	S	D	W	R						
H	V	G	Q	E	V	P	Q	A	R	G	G	V	L	Q	T	G	A						
M	S	G	R	S	S	R	S	R	A	A	A	S	S	S	L	G	L						

GTA	CCT	GGG	GGA	CGA	GCT	GGC	CGA	CGC	GCG	CCG	GCG	GCT	GCT	CGA	CTC	AGG	GTC						
19881				19890				19899				19908				19917				19926			
CAT	GGA	CCC	CCT	GCT	CGA	CCG	GCT	GCG	CGC	GGC	CGC	CGA	CGA	GCT	GAG	TCC	CAG						

H	G	P	P	A	R	P	A	A	R	G	R	R	R	A	E	S	Q						
M	D	P	L	L	D	R	L	R	A	A	A	D	E	L	S	P	S						
W	T	P	C	S	T	G	C	A	R	P	P	T	S	*	V	P	A						

V	A	C	A	A	R	C	S	P	A	R	P	G	A	P	W	P	S						
C	R	V	R	R	E	V	R	R	R	E	R	V	R	P	G	R	H						
A	G	C	V	G	S	*	V	V	A	S	A	S	G	R	A	V	T						

GCG	TGG	CGT	GTG	CGG	CGA	GAT	GTG	CTG	CCG	CGA	GCG	CCT	GGG	CGC	CCG	GTG	CCA						
19935				19944				19953				19962				19971				19980			
CGC	ACC	GCA	CAC	GCC	GCT	CTA	CAC	GAC	GGC	GCT	CGC	GGA	CCC	GCG	GGC	CAC	GGT						

R	T	A	H	A	A	L	H	D	G	A	R	G	P	A	G	H	G						
A	P	H	T	P	L	Y	T	T	A	L	A	D	P	R	A	T	V						
H	R	T	R	R	S	T	R	R	R	S	R	T	R	G	P	R	*						

R	R	R	R	T	S	P	P	S	G	A	C	G	P	A	A	R	R						
G	G	V	A	R	V	P	R	R	V	Q	A	V	R	H	P	E	G						

V A S P A Y Q A A F R R L G T R S A

CTG GCG GCT GCC GCG CAT GAC CCG CCG CTT GGA CGC GTT GGG CCA CGC CGA GCG
19989 19998 20007 20016 20025 20034
GAC CGC CGA CGG CGC GTA CTG GGC GGC GAA CCT GCG CAA CCC GGT GCG GCT CGC

D R R R R V L G G E P A Q P G A A R
T A D G A Y W A A N L R N P V R L A
P P T A R T G R R T C A T R C G S P

R S * R P P R P R G G P T R R A T G
G R D G R R G L V A V P R E D L Q G
A A I V A A A S S P W R A N T S S D

GCG GCG CTA GTG GCG CCG CCG GCT CCT GCC GGT GGC CCG CAA GCA GCT CGA CAG
20043 20052 20061 20070 20079 20088
CGC CGC GAT CAC CGC GGC GGC CGA GGA CGG CCA CCG GGC GTT CGT CGA GCT GTC

R R D H R G G R G R P P G V R R A V
A A I T A A A E D G H R A F V E L S
P R S P R R P R T A T G R S S S C P

A G R P R A S S G R S A P R V R R P
R V G H D R V R D V L R Q G F A A H
G C G T T A C E I W S V S A S R P T

GGG CGT GGG GCA CCA GCG CGT GAG CTA GGT GCT CTG CGA CCG GCT TGC GCC GCA
20097 20106 20115 20124 20133 20142
CCC GCA CCC CGT GGT CGC GCA CTC GAT CCA CGA GAC GCT GGC CGA ACG CGG CGT

P A P R G R A L D P R D A G R T R R
P H P V V A H S I H E T L A E R G V
R T P W S R T R S T R R W P N A A W

P R T R R V S A V A C G A R P G S R
L V H E D S R R * P A V L G L G P G
S S T N T P G V S R R L W G S A R V

CCT CCT GCA CAA GCA GCC TGG CTG CGA TGC CGC GTT GGT CGG GCT CCG GGC CTG
20151 20160 20169 20178 20187 20196
GGA GGA CGT GTT CGT CGG ACC GAC GCT ACG GCG CAA CCA GCC CGA GGC CCG GAC

G G R V R R T D A T A Q P A R G P D
E D V F V G P T L R R N Q P E A R T
R T C S S D R R Y G A T S P R P G P

G R R R P R R G S G R R S R P S T P
E A G G H A G G V A V A H A H V P R
K R A A T P A A W Q W P T L T S Q D

GAA GGC GCG GCG GCA CCC GCG GCG GGT GAC GGT GCC GCA CTC GCA CCT GAC CAG
20205 20214 20223 20232 20241 20250
CTT CCG CGC CGC CGT GGG CGC CGC CCA CTG CCA CGG CGT GAG CGT GGA CTG GTC

L P R R R G R R P L P R R E R G L V
F R A A V G A A H C H G V S V D W S
S A P P W A P P T A T A * A W T G R

```

A G A S R S G R L G A A R G R A A G
R E L R V P V E F D Q R G V G P L V
A S W G F P F R S T R G G * G Q C C
-----
CCG CGA GGT CGG CTT GCC CTT GGA GCT TCA GGA CGG CGG GAT GGG GAC CGT CGT
20259 20268 20277 20286 20295 20304
GGC GCT CCA GCC GAA CGG GAA CCT CGA AGT CCT GCC GCC CTA CCC CTG GCA GCA
-----
G A P A E R E P R S P A A L P L A A
A L Q P N G N L E V L P P Y P W Q H
R S S R T G T S K S C R P T P G S T
-----
G A T A N W R R P A L P R A R G R R
A R Q P T G D G P R S R G L A A V V
R G S H R E M A P A R A A S R P W S
-----
GGC GGG CGA CAC CGC AAG GTA GCG GCC CCG CGC TCG CCG GCT CGC GCC GGT GCT
20313 20322 20331 20340 20349 20358
CCG CCC GCT GTG GCG TTC CAT CGC CGG GGC GCG AGC GGC CGA GCG CGG CCA CGA
-----
P P A V A F H R R G A S G R A R P R
R P L W R S I A G A R A A E R G H D
A R C G V P S P G R E R P S A A T T
-----
R S G C A A P C A R R R R P C R G A
D V G V R Q Q A R G A A D R A A V Q
T S E W V S S P V G P P T A P L S R
-----
GCA GCT GAG GGT GTG CGA CGA CCC GTG CGG GCC GCC GCA GCG CCC GTC GCT GGA
20367 20376 20385 20394 20403 20412
CGT CGA CTC CCA CAC GCT GCT GGG CAC GCC CGG CGG CGT CGC GGG CAG CGA CCT
-----
R R L P H A A G H A R R R R G Q R P
V D S H T L L G T P G G V A G S D L
S T P T R C W A R P A A S R A A T C
-----
A T A C C A P R R C G G T G P C G R
P Q P V A R Q V V V A A R V R A A V
R S H C L V S S S S L R G Y G P L W
-----
CGC CGA CAC CGT GTC GTG CGA CCT GCT GCT GTC GGC GGG CAT GGG CCC GTC GGT
20421 20430 20439 20448 20457 20466
GCG GCT GTG GCA CAG CAC GCT GGA CGA CGA CAG CCG CCC GTA CCC GGG CAG CCA
-----
A A V A Q H A G R R Q P P V P G Q P
R L W H S T L D D D S R P Y P G S H
G C G T A R W T T T A A R T R A A T
-----
G * R R P S R G P R R A P P * T G P
G E V A H L D D R G G H Q R D R E Q
A R L P T S I T G A A T S A T V N R
-----
GCG GGA GTT GCC GCA CCT CTA GCA GGG CCG GCG GCA CGA CCG CCA GTG CAA GGA
20475 20484 20493 20502 20511 20520
CGC CCT CAA CGG CGT GGA GAT CGT CCC GGC CGC CGT GCT GGC GGT CAC GTT CCT
-----

```

R P Q R R G D R P G R R A G G H V P
A L N G V E I V P A A V L A V T F L
P S T A W R S S R P P C W R S R S W

P R R R P R L A G R G G P C S S S G
R G A G L A F L A A G E L V H R H G
A A P A S P S S R R A R W S M V I V

CCG CCG GCC GCG GCT CCC GCT TCT CGC GGC GCG GGA GGT CCT GTA CTG CTA CTG
20529 20538 20547 20556 20565 20574
GGC GGC CGG CGC CGA GGG CGA AGA GCG CCG CGC CCT CCA GGA CAT GAC GAT GAC

G G R R R G R R A P R P P G H D D D
A A G A E G E E R R A L Q D M T M T
R P A P R A K S A A P S R T * R * P

G P A S P P D A A S G P R G R P R P
V R H Q R R T L P L D L D D A L A L
W G T S V A P * R C I W T T R S P S

GGT GGG CCA CGA CTG CCG CCC AGT CGC CGT CTA GGT CCA GCA GGC GCT CCC GCT
20583 20592 20601 20610 20619 20628
CCA CCC GGT GCT GAC GGC GGG TCA GCG GCA GAT CCA GGT CGT CCG CGA GGG CGA

P P G A D G G S A A D P G R P R G R
H P V L T A G Q R Q I Q V V R E G E
T R C * R R V S G R S S S A R A R

P A A P R G S P R P R R R G S G R R
H H P Q G G P R D R V G G V R V G G
T T R S A E R V T A S A A S G F G A

CCA CCA CGC CGA CCG GAG GGC CTG CCA GCG CCT GCG GCG GCT GGG CTT GGG GCG
20637 20646 20655 20664 20673 20682
GGT GGT GCG GCT GGC CTC CCG GAC GGT CGC GGA CGC CGC CGA CCC GAA CCC CGC

G G A A G L P D G R G R R R P E P R
V V R L A S R T V A D A A D P N P A
W C G W P P G R S R T P P T R T P P

A R G H R P G S P R A P G R R D P P
P E D M G L G P R G R V E G T Q R
Q S T W A S A R V A A G S R A P R A

GAC CGA GCA GGT ACG GCT CCG GGC CTG CCG GCG CGG CCT GGA GCG GCC AGA CCG
20691 20700 20709 20718 20727 20736
CTG GCT CGT CCA TGC CGA GGC CCG GAC GGC CGC GCC GGA CCT CGC CGG TCT GGC

L A R P C R G P D G R A G P R R S G
W L V H A E A R T A A P D L A G L A
G S S M P R P G R P R R T S P V W R

A T A A P G P R A G A R V P R G R G
R P R Q Q V R A L V P E F R G V G A
A R D S S S G P S C R S S G A S G P

CCG CGC CAG CGA CGA CCT GGG CCC GCT CGT GGC CGA GCT TGG CCG GCT GGG GCC

20745 20754 20763 20772 20781 20790
 GGC GCG GTC GCT GCT GGA CCC GGG CGA GCA CCG GCT CGA ACC GGC CGA CCC CGG

 G A V A A G P G R A P A R T G R P R
 A R S L L D P G E H R L E P A D P G
 R G R C W T R A S T G S N R P T P A

 P R G A A P R P P R V R S R N R N S
 Q D G P P Q G L H A Y G R G T E I P
 R T E R R S A S T P T G E V P K S Q

 GGA CCA GAG GGC CGC CGA CCG GCT CCA CCC GCA TGG GAG CTG GCC AAA GCT AAC
 20799 20808 20817 20826 20835 20844
 CCT GGT CTC CCG GCG GCT GGC CGA GGT GGG CGT ACC CTC GAC CGG TTT CGA TTG

 P G L P A A G R G G R T L D R F R L
 L V S R R L A E V G V P S T G F D W
 W S P G G W P R W A Y P R P V S I G

 R R A V T R R D R H V A R E P A R A
 A D L S Q G G T E T Y Q V S L H E R
 L T S R S D A P R P T S C A * T S E

 CTC GCA GCT CGC TGA CAG GCG GCC AGA GCC ACA TGA CGT GCG AGT CCA CGA GAG
 20853 20862 20871 20880 20889 20898
 GAG CGT CGA GCG ACT GTC CGC CGG TCT CGG TGT ACT GCA CGC TCA GGT GCT CTC

 E R R A T V R R S R C T A R S G A L
 S V E R L S A G L G V L H A Q V L S
 A S S D C P P V S V Y C T L R C S R

 R R R T R P G A A P R R S T S R A P
 G V G R G P G R Q Q V G H H R D R R
 G S A E D Q A G S S S A T I D I A G

 CGG GCT GCG GAG CAG GAC CCG GGG CGA CGA CCT GCG GCA CTA CAG CTA GCG CGG
 20907 20916 20925 20934 20943 20952
 GCC CGA CGC CTC GTC CTG GGC CCC GCT GCT GGA CGC CGT GAT GTC GAT CGC GCC

 A R R L V L G P A A G R R D V D R A
 P D A S S W A P L L D A V M S I A P
 P T P R P G P R C W T P * C R S R R

 R R R P G G A A G C P R A R R R S *
 G G E H A E R L E A H D H V D V L D
 A A K T P R G C S R M T T C T S S I

 CCG GCG GAA GCA CCC GGA GGG CGT CGA GGC GTA CCA GCA CGT GCA GCT GCT CTA
 20961 20970 20979 20988 20997 21006
 GGC CGC CTT CGT GGG CCT CCC GCA GCT CCG CAT GGT CGT GCA CGT CGA CGA GAT

 G R L R G P P A A P H G R A R R R D
 A A F V G L P Q L R M V V H V D E I
 P P S W A S R S S A W S C T S T R S

 R R R C A V P P P S P R P R A R D G
 G D V A R W R L R R R D L D R E I G

V T S P V G G S A A V T S T A S S G

GTG GCA GCT GCC GTG CGG TGG CCT CCG CCG CTG CCA GCT CCA GCG CGA GCT AGG
21015 21024 21033 21042 21051 21060
CAC CGT CGA CGG CAC GCC ACC GGA GGC GGC GAC GGT CGA GGT CGC GCT CGA TCC

H R R R H A T G G G D G R G R A R S
T V D G T P P E A A T V E V A L D P
P S T A R H R R R R R S R S R S I P

R R R C R A R G P * P R P P V G P P
A D G V G H V G Q D R V P L S A R H
R T A S V T C A R T V S P S P R G T

GGC GCA GCG GCT GTG GCA CGT GCG GGA CCA GTG CCT GCC CCT CCC TGC GGG CCA
21069 21078 21087 21096 21105 21114
CCG CGT CGC CGA CAC CGT GCA CGC CCT GGT CAC GGA CGG GGA GGG ACG CCC GGT

P R R R H R A R P G H G R G G T P G
R V A D T V H A L V T D G E G R P V
A S P T P C T P W S R T G R D A R W

S G A R G A S G P P R A A P R A P C
R A Q A A Q A V R H D L L R G R R V
A L R R P R R * G T T S C G A A G S

CCG CTC GGA CGC GCC GGA CGC GAT GGG CCA CCA GCT CGT CGG CCG GCG CGG CCT
21123 21132 21141 21150 21159 21168
GGC GAG CCT GCG CGG CCT GCG CTA CCC GGT GGT CGA GCA GCC GGC CGC GCC GGA

G E P A R P A L P G G R A A G R A G
A S L R G L R Y P V V E Q P A A P D
R A C A A C A T R W S S S R P R R T

R R A P R R R P R P R P T T R P D T
G V L R A A V R V R V H H R E R T Q
V S S G P P S A S A S T T D N A P R

GTG GCT GCT CGG CCC GCC GCT GCG CCT GCG CCT GCA CCA CAG CAA GCG CCC AGA
21177 21186 21195 21204 21213 21222
CAC CGA CGA GCC GGG CGG CGA CGC GGA CGC GGA CGT GGT GTC GTT CGC GGG TCT

H R R A G R R R G R G R G V V R G S
T D E P G G D A D A D V V S F A G L
P T S R A A T R T R T W C R S R V C

A P P A A N G P A R R P A R A S R A
R R L L Q T G P H E V L H A L L D R
D G S S S R E R T S S S T R S C I A

CAG CGG CCT CCT CGA CGC AAG GGC CCA CGA GCT GCT CCA CGC GCT CGT CTA GCG
21231 21240 21249 21258 21267 21276
GTC GCC GGA GGA GCT GCG TTC CCG GGT GCT CGA CGA GGT GCG CGA GCA GAT CGC

V A G G A A F P G A R R G A R A D R
S P E E L R S R V L D E V R E Q I A
R R R S C V P G C S T R C A S R S R

P S A V R G W P G A R E G G A P P A
 L L H S E G G R G Q V N A A R Q H L
 C S I R S A G V A R C T R R G S T S

 CGT CCT CTA CGC TGA GCG GGG GTG CCG GGA CGT GCA AGC GGC GGG CGA CCA CCT
 21285 21294 21303 21312 21321 21330
 GCA GGA GAT GCG ACT CGC CCC CAC GGC CCT GCA CGT TCG CCG CCC GCT GGT GGA

 A G D A T R P H G P A R S P P A G G
 Q E M R L A P T A L H V R R P L V E
 R R C D S P P R P C T F A A R W W S

 P A R S P S S P P P G G G A P S A G
 L P E V R H H R H H D A A P Q L L A
 C P S S E T I V T T T R R R S S F R

 CGT CCC CGA GCT GAG CCA CTA CTG CCA CCA CCA GGC GGC GGC CGA CCT CTT CGC
 21339 21348 21357 21366 21375 21384
 GCA GGG GCT CGA CTC GGT GAT GAC GGT GGT GGT CCG CCG CCG GCT GGA GAA GCG

 A G A R L G D D G G G P P P A G E A
 Q G L D S V M T V V V R R R L E K R
 R G S T R * * R W W S A A G W R S A

 R G P R A P W C R R S A A W W * R C
 E A P V H R G V D E P L Q G G D A V
 R P R S T G A L M K Q F S G V M L S

 GGA GCC GGC CCT GCA CGG CCG GTT GTA GAA GAC CTT CGA CGG GTG GTA GTC GCT
 21393 21402 21411 21420 21429 21438
 CCT CGG CCG GGA CGT GCC GGC CAA CAT CTT CTG GAA GCT GCC CAC CAT CAG CGA

 P R P G R A G Q H L L E A A H H Q R
 L G R D V P A N I F W K L P T I S D
 S A G T C R P T S S G S C P P S A T

 R R D G S R V G * P V G S P P R G H
 D D I V Q G F A E R F V R R R V A M
 M T S * R V S R R V S C G V A S P W

 GTA GCA GCT AGT GGA CTG GCT TGC GGA GTG CCT TGT GGG CTG CCG CCT GCC GGT
 21447 21456 21465 21474 21483 21492
 CAT CGT CGA TCA CCT GAC CGA ACG CCT CAC GGA ACA CCC GAC GGC GGA CGG CCA

 H R R S P D R T P H G T P D G G R P
 I V D H L T E R L T E H P T A D G H
 S S I T * P N A S R N T R R R T A M

 T R F A S V G Y S M D A P S P P T F
 R G S R V S E T V * T L L P R R P S
 A D Q V C Q S R L E H * C P V A P H

 ACG CAG GAC TTG CGT GAC TGA GGC ATT GAG TAC AGT CGT CCC CTG CCG CCC CAC
 21501 21510 21519 21528 21537 21546
 TGC GTC CTG AAC GCA CTG ACT CCG TAA CTC ATG TCA GCA GGG GAC GGC GGG GTG

C V L N A L T P * L M S A G D G G V
 A S * T H * L R N S C Q Q G T A G *
 R P E R T D S V T H V S R G R R G E

 P G R W G A R F G L S F R F F V G T
 L A A G A P G S V * P F G S F C A L
 F P R A L R G P F R P F V Q F V R W

 TTT CCC GGC GCG GTC GGC CGG GCC TTT GGA TCC CTT TTG GAC TTT TTG TGC GGT
 21555 21564 21573 21582 21591 21600
 AAA GGG CCG CGC CAG CCG GCC CGG AAA CCT AGG GAA AAC CTG AAA AAC ACG CCA

 K G P R Q P A R K P R E N L K N T P
 K G R A S R P G N L G K T * K T R Q
 R A A P A G P E T * G K P E K H A S

 R D N N P P S M R H W R S N G Q F S
 V I T T P R L C E I G D P T G K F R
 Y S R Q Q A S V N S A M Q L E R S V

 CAT GCT AGC AAC AAC CCG CCT CTG TAA GCT ACG GTA GAC CTC AAG GGA ACT TTG
 21609 21618 21627 21636 21645 21654
 GTA CGA TCG TTG TTG GGC GGA GAC ATT CGA TGC CAT CTG GAG TTC CCT TGA AAC

 V R S L L G G D I R C H L E F P * N
 Y D R C W A E T F D A I W S S L E T
 T I V V G R R H S M P S G V P L K R

 R I Q R R Q G C P T P Y S P A * I P
 G S R V A S V A L H P I H L R E Y Q
 V Q D S P A S R L T H S I F A S M N

 CTG GAC TAG ACT GCC GCG ACT GGC GTT CCA CAC CCT ATA CTT CCG CGA GTA TAA
 21663 21672 21681 21690 21699 21708
 GAC CTG ATC TGA CGG CGC TGA CCG CAA GGT GTG GGA TAT GAA GGC GCT CAT ATT

 D L I * R R * P Q G V G Y E G A H I
 T * S D G A D R K V W D (M) K A L I L
 P D L T A L T A R C G I * R R S Y W

 P R P Q S S A A A S * A Y R P W V V
 H A P N A R P Q P R N R M G R G F L
 T P P T P E L S R G I V C V E A L C

 CCA CCC GCC CCA ACC GAG CTC CGA CGC CGG CTA ATG CGT ATG GAG CCG GTT TGT
 21717 21726 21735 21744 21753 21762
 GGT GGG CGG GGT TGG CTC GAG GCT GCG GCC GAT TAC GCA TAC CTC GGC CAA ACA

 G G R G W L E A A A D Y A Y L G Q T
 V G G V G S R L R P I T H T S A K Q
 W A G L A R G C G R L R I P R P N N

 P G P P W Y F Q E R R H V P N W * P
 Q D R H G I S S N E G I Y Q I G D L
 S T G T A L L V T R E * T S S E M L

 TGA CCA GGG CCA CCG GTT ATC TTG ACA AGA GAG GAT ACA TGA CCT AAG GTA GTT

21771 21780 21789 21798 21807 21816
 ACT GGT CCC GGT GGC CAA TAG AAC TGT TCT CTC CTA TGT ACT GGA TTC CAT CAA

 T G P G G Q * N C S L L C T G F H Q
 L V P V A N R T V L S Y V L D S I K
 W S R W P I E L F S P M Y W I P S R

 P R F I P P R S Q R R P S R P P S G
 L G S Y R L D P N D D P R G R R L D
 S A P I D S T P I T T P A V A A S I

 CCT CCG GCC TTA TAG CCT CCA GCC CTA ACA GCA GCC CCG CTG GCG CCG CCT CTA
 21825 21834 21843 21852 21861 21870
 GGA GGC CGG AAT ATC GGA GGT CGG GAT TGT CGT CGG GGC GAC CGC GGC GGA GAT

 G G R N I G G R D C R R G D R G G D
 E A G I S E V G I V V G A T A A E I
 R P E Y R R S G L S S G R P R R R S

 P K R P L R R P T R G P R * R C G A
 L S G H S V A R L E A Q V D G V D L
 W A E T P S P A S N P R S T V * M W

 GT CCG AAG GCA CCC TCT GCC GCG CCT CAA GCC GGA CCT GCA GTG GAT GTA GGT
 21879 21888 21897 21906 21915 21924
 CCA GGC TTC CGT GGG AGA CGG CGC GGA GTT CGG CCT GGA CGT CAC CTA CAT CCA

 P G F R G R R R G V R P G R H L H P
 Q A S V G D G A E F G L D V T Y I Q
 R L P W E T A R S S A W T S P T S S

 P R G A R A P R R R A R T G H S G R
 L V G R A P Q G V G H E H G T V E E
 C S A G R P S A S A T S T D R S K R

 CGT CCT GCG GGG CGC GCC CGA CCG GCT GCG GCA CGA GCA CAG GGC ACT GAA GGA
 21933 21942 21951 21960 21969 21978
 GCA GGA CGC CCC GCG CGG GCT GGC CGA CGC CGT GCT CGT GTC CCG TGA CTT CCT

 A G R P A R A G R R R A R V P * L P
 Q D A P R G L A D A V L V S R D F L
 R T P R A G W P T P C S C P V T S S

 R R R S R * T G P R C S R R P R C R
 A V V V E D H V Q A V V V D H V A D
 P S S S K T M Y R P S L * T T S P M

 GCC GCT GCT GCT GAA GCA GTA CAT GGA CCC GCT GTT GAT GCA GCA CCT GCC GTA
 21987 21996 22005 22014 22023 22032
 CGG CGA CGA CGA CTT CGT CAT GTA CCT GGG CGA CAA CTA CGT CGT GGA CGG CAT

 R R R R L R H V P G R Q L R R G R H
 G D D D F V M Y L G D N Y V V D G I
 A T T T S S C T W A T T T S W T A S

 R S R P P S G G R C A R R A P * A R
 D V E H R V E A A V L G G R L D H E

T	S	K	T	A	S	K	R	R	S	L	G	A	A	C	T	M	S
GCA	GCT	GAA	GCA	CCG	CCT	GAA	GGC	GGC	GCT	GTT	CGG	GCG	GCG	CGT	CCA	GTA	CGA
	22041			22050			22059			22068			22077			22086	
CGT	CGA	CTT	CGT	GGC	GGA	CTT	CCG	CCG	CGA	CAA	GCC	CGC	CGC	GCA	GGT	CAT	GCT
R	R	L	R	G	G	L	P	P	R	Q	A	R	R	A	G	H	A
V	D	F	V	A	D	F	R	R	D	K	P	A	A	Q	V	M	L
S	T	S	W	R	T	S	A	A	T	S	P	P	R	R	S	C	S
G	P	R	R	G	A	C	T	R	R	P	R	V	Q	R	S	R	G
G	P	D	G	V	R	A	P	E	A	H	G	F	K	V	L	V	A
A	R	T	A	S	G	R	L	N	P	T	A	S	S	S	S	F	P
GCG	GGC	CCA	GCG	GCT	GGG	CGC	GTC	CAA	GCC	GCA	CCG	GCT	TGA	ACT	GCT	CTT	GCC
	22095			22104			22113			22122			22131			22140	
CGC	CCG	GGT	CGC	CGA	CCC	GCG	CAG	GTT	CGG	CGT	GGC	CGA	ACT	TGA	CGA	GAA	CGG
R	P	G	R	R	P	A	Q	V	R	R	G	R	T	*	R	E	R
A	R	V	A	D	P	R	R	F	G	V	A	E	L	D	E	N	G
P	G	S	P	T	R	A	G	S	A	W	P	N	L	T	R	T	A
P	S	R	P	R	P	S	A	G	P	G	W	S	R	G	P	S	R
P	H	G	R	D	H	L	L	G	L	V	G	P	A	V	Q	R	D
R	T	V	A	T	T	S	F	G	W	S	G	L	L	S	R	A	I
GGC	CCA	CTG	GCG	CCA	GCA	CCT	CTT	CGG	GGT	CCT	GGG	GTC	CTC	GCT	GGA	CCG	CTA
	22149			22158			22167			22176			22185			22194	
CCG	GGT	GAC	CGC	GGT	CGT	GGA	GAA	GCC	CCA	GGA	CCC	CAG	GAG	CGA	CCT	GGC	GAT
P	G	D	R	G	R	G	E	A	P	G	P	Q	E	R	P	G	D
R	V	T	A	V	V	E	K	P	Q	D	P	R	S	D	L	A	I
G	*	P	R	S	W	R	S	P	R	T	P	G	A	T	W	R	S
R	R	T	R	R	*	S	P	R	A	R	P	R	P	R	C	G	A
D	A	H	V	G	E	A	R	G	H	V	L	G	H	G	A	D	P
T	P	T	Y	A	K	L	E	A	T	C	S	A	T	A	P	M	R
GCA	GCC	GCA	CAT	GCG	GAA	GTC	GAG	CCG	GCA	CGT	GCT	CCG	GCA	CCG	GCC	GTA	GGC
	22203			22212			22221			22230			22239			22248	
CGT	CGG	CGT	GTA	CGC	CTT	CAG	CTC	GGC	CGT	GCA	CGA	GGC	CGT	GGC	CGG	CAT	CCG
R	R	R	V	R	L	Q	L	G	R	A	R	G	R	G	R	H	P
V	G	V	Y	A	F	S	S	A	V	H	E	A	V	A	G	I	R
S	A	C	T	P	S	A	R	P	C	T	R	P	W	P	A	S	G
T	R	A	S	R	A	P	S	*	R	R	G	A	T	A	P	R	G
R	G	P	P	V	L	Q	L	D	G	V	G	Q	L	P	Q	G	V
G	D	Q	R	F	S	S	S	I	V	S	A	R	C	H	S	A	S
CGG	CAG	GAC	CGC	CTT	GCT	CGA	CCT	CTA	GTG	GCT	GCG	GGA	CGT	CAC	CGA	CCG	GCT
	22257			22266			22275			22284			22293			22302	
GCC	GTC	CTG	GCG	GAA	CGA	GCT	GGA	GAT	CAC	CGA	CGC	CCT	GCA	GTG	GCT	GGC	CGA
A	V	L	A	E	R	A	G	D	H	R	R	P	A	V	A	G	R
P	S	W	R	N	E	L	E	I	T	D	A	L	Q	W	L	A	D
R	P	G	G	T	S	W	R	S	P	T	P	C	S	G	W	P	T

R A R P R S W P S R G T S S P R R S
V P V L D A G R H D V P V P L V D R
W P C S T P E V T I S R Y Q F S T A

GGT GCC CGT GCT CCA GCC GAG GTG CCA CTA GCT GGC CAT GAC CTT CCT GCA GCG
22311 22320 22329 22338 22347 22356
CCA CGG GCA CGA GGT CGG CTC CAC GGT GAT CGA CCG GTA CTG GAA GGA CGT CGC

P R A R G R L H G D R P V L E G R R
H G H E V G S T V I D R Y W K D V A
T G T R S A P R * S T G T G R T S R

R * R R G P S S G A G A P T G P S G
A D G V D Q L H V P V Q Q L G Q L G
L T V S T R S I F R C R S S D R S V

CTC GCA GTG GCT GCA GGA CCT CTA CTT GGC CGT GGA CGA CCT CAG GGA CCT CTG
22365 22374 22383 22392 22401 22410
GAG CGT CAC CGA CGT CCT GGA GAT GAA CCG GCA CCT GCT GGA GTC CCT GGA GAC

E R H R R P G D E P A P A G V P G D
S V T D V L E M N R H L L E S L E T
A S P T S W R * T G T C W S P W R P

C R R R P P R P W R V P P G L R P P
A D V A L H V L G A F Q H A S D H H
R M S P S T S S A L S S T P R T T T

GGC GTA GCT GCC GCT CCA CCT GCT CCG GTC GCT TGA CCA CCC GGC TCA GCA CCA
22419 22428 22437 22446 22455 22464
CCG CAT CGA CGG CGA GGT GGA CGA GGC CAG CGA ACT GGT GGG CCG AGT CGT GGT

P H R R R G G R G Q R T G G P S R G
R I D G E V D E A S E L V G R V V V
A S T A R W T R P A N W W A E S W W

P P P S S R R S G C R R D R R * R G
L R P R L D G A G A D D T G G D D A
S A P A F I E P E R M T P G A T M P

CCT CCG CCC CCG CTT CTA GAG GCC GAG GGC GTA GCA GCC AGG GCG GCA GTA GCC
22473 22482 22491 22500 22509 22518
GGA GGC GGG GGC GAA GAT CTC CGG CTC CCG CAT CGT CGG TCC CGC CGT CAT CGG

G G G G E D L R L P H R R S R R H R
E A G A K I S G S R I V G P A V I G
R R G R R S P A P A S S V P P S S A

P C P P A P S R G R D R * R W R P C
R V R H H L V G V E T G E G G D L A
G S V T T C S E * R P G K V E M S P

GGG CCT GTG CCA CCA CGT CCT GAG GAT GGA GCC AGG GAA GTG GAG GTA GCT CCC
22527 22536 22545 22554 22563 22572
CCC GGA CAC GGT GGT GCA GGA CTC CTA CCT CGG TCC CTT CAC CTC CAT CGA GGG

P G H G G A G L L P R S L H L H R G
 P D T V V Q D S Y L G P F T S I E G
 R T R W C R T P T S V P S P P S R A

 S G P R A C R S G T S S R A A H R K
 V A P D R V A L D L V R D H Q T A S
 L Q R T A C L S I W Y E I T S R P A

 GTT GAC GGC CCA GCG CGT GTC GCT CTA GGT CAT GAG CTA GCA CGA CGC ACC GCG
 22581 22590 22599 22608 22617 22626
 CAA CTG CCG GGT CGC GCA CAG CGA GAT CCA GTA CTC GAT CGT GCT GCG TGG CGC

 Q L P G R A Q R D P V L D R A A W R
 N C R V A H S E I Q Y S I V L R G A
 T A G S R T A R S S T R S C C V A L

 S R P L R G H R P S P S R G P S R P
 R D L S D G T D L V R H D A P L G L
 E I S P T A R T S S E T I P R S V S

 AAG CTA GCT CCC TCA GCG GGC ACA GCT CCT GAG CCA CTA GCC GGC CCT CTG GCT
 22635 22644 22653 22662 22671 22680
 TTC GAT CGA GGG AGT CGC CCG TGT CGA GGA CTC GGT GAT CGG CCG GGA GAC CGA

 F D R G S R P C R G L G D R P G D R
 S I E G V A R V E D S V I G R E T E
 R S R E S P V S R T R * S A G R P R

 S R R G G S T S R A G A P A P L G C
 H V G G G P R R G R V P Q H Q S V V
 T F A A G R V D V A C R S T S P S W

 CCA CTT GCG GCG GGG GGC CTG CAG CTG GCG CGT GGC CGA CCA CGA CCC TCT GGT
 22689 22698 22707 22716 22725 22734
 GGT GAA CGC CGC CCC CCG GAC GTC GAC CGC GCA CCG GCT GGT GCT GGG AGA CCA

 G E R R P P D V D R A P A G A G R P
 V N A A P R T S T A H R L V L G D H
 * T P P P G R R P R T G W C W E T T

 G P G P R R N F L G A S A P S A V T
 A P D L D A T S C A Q P P P P R S P
 L R T W T P P Q V P R R L R P V R R

 GTC GGC CCA GGT CCA GCC GCC AAC TTG TCC GGA CGC CTC CGC CCC CTG CGC TGC
 22743 22752 22761 22770 22779 22788
 CAG CCG GGT CCA GGT CGG CGG TTG AAC AGG CCT GCG GAG GCG GGG GAC GCG ACG

 Q P G P G R R L N R P A E A G D A T
 S R V Q V G G * T G L R R R G T R R
 A G S R S A V E Q A C G G G G R D G

 F A A * P F M R S P L A P A S R P R
 S P P K R S C A L R C R P H P V P V
 H L R S V P V H S V A A R T R F P S

 CAC TTC CGC CGA ATG CCC TTG TAC GCT CTG CCG TCG CGC CCA CGC CTT GCC CCT

22797 22806 22815 22824 22833 22842
 GTG AAG GCG GCT TAC GGG AAC ATG CGA GAC GGC AGC GCG GGT GCG GAA CGG GGA

 V K A A Y G N M R D G S A G A E R G
 * R R L T G T C E T A A R V R N G D
 E G G L R E H A R R Q R G C G T G T

 C T R T M P P A P K M P E W Y T R S
 A R G P * R H L P S * R S G T R A R
 P V D Q D D T S R A E D A G L V H A

 GCC GTG CAG GAC CAG TAG CCA CCT CGC CCG AAG TAG CCG AGG GTC ATG CAC GCG
 22851 22860 22869 22878 22887 22896
 CGG CAC GTC CTG GTC ATC GGT GGA GCG GGC TTC ATC GGC TCC CAG TAC GTG CGC

 R H V L V I G G A G F I G S Q Y V R
 G T S W S S V E R A S S A P S T C A
 A R P G H R W S G L H R L P V R A R

 S T R S P S G A R T V T S S L S V *
 V P G P R R D P A P S R A P C A S R
 F Q D P V A I R R P H G H Q V L Q G

 GTT GAC CAG GCC CTG CCG CTA GGC CGC GCC CAC TGG CAC GAC CTG TTC GAC TGG
 22905 22914 22923 22932 22941 22950
 GAA CTG GTC CGG GAC GGC GAT CCG GCG CGG GTG ACC GTG CTG GAC AAG CTG ACC

 E L V R D G D P A R V T V L D K L T
 N W S G T A I R R G * P C W T S * P
 T G P G R R S G A G D R A G Q A D L

 A P F R A F R S G T A P R Y V K T C
 R R S G P S G P A P R R G T C R R A
 V G P V Q R V Q L R D G A P V G E H

 ATG CGG CCC TTG GAC CGC TTG GAC CTC GGC CAG CGG CCG GCC ATG TGG AAG CAC
 22959 22968 22977 22986 22995 23004
 TAC GCC GGG AAC CTG GCG AAC CTG GAG CCG GTC GCC GGC CGG TAC ACC TTC GTG

 Y A G N L A N L E P V A G R Y T F V
 T P G T W R T W S R S P A G T P S C
 R R E P G E P G A G R R P V H L R A

 P S M Q S A L S S A S T T G P W S R
 R R C R R H W A A R R P P G R G R D
 V A V D A I G P Q E G L H D G A V I

 GTG CCG CTG TAG ACG CTA CGG TCC GAC GAG CGG CTC CAC CAG GGG CCG GTG CTA
 23013 23022 23031 23040 23049 23058
 CAC GGC GAC ATC TGC GAT GCC AGG CTG CTC GCC GAG GTG GTC CCC GGC CAC GAT

 H G D I C D A R L L A E V V P G H D
 T A T S A M P G C S P R W S P A T I
 R R H L R C Q A A R R G G P R P R S

 T T L K A A S D C T S R D I A S A A
 P P * S R P R I A R R G T S R R R P

E1

Q H D V E R G F R V D V P R D G V R
 GAC CAC CAG TTG AAG CGC CGG CTT AGC GTG CAG CTG GCC AGC TAG CGG CTG CGC
 23067 23076 23085 23094 23103 23112
 CTG GTG GTC AAC TTC GCG GCC GAA TCG CAC GTC GAC CGG TCG ATC GCC GAC GCG
 L V V N F A A E S H V D R S I A D A
 W W S T S R P N R T S T G R S P T R
 G G Q L R G R I A R R P V D R R R G
 G N M R V L T C P T W A S M C T H R
 A T * V Y W H A P R G P V * A P T G
 R R E Y T G I H L A D L C E H L H A
 CGC GGC AAG TAT GCA TGG TTA CAC GTC CCG CAG GTC CGT GAG TAC GTC CAC ACG
 23121 23130 23139 23148 23157 23166
 GCG CCG TTC ATA CGT ACC AAT GTG CAG GGC GTC CAG GCA CTC ATG CAG GTG TGC
 A P F I R T N V Q G V Q A L M Q V C
 R R S Y V P M C R A S R H S C R C A
 A V H T Y Q C A G R P G T H A G V P
 S A P V A L I T C T E V S S T Y P L
 P P R C P W S R A P R W R R P T R C
 Q L G A R G P D H L D G G V L H V A
 GAC CTC CGG CCG TGC CGG TCC TAG CAC GTC CAG AGG TGG CTG CTC CAC ATG CCG
 23175 23184 23193 23202 23211 23220
 CTG GAG GCC GGC ACG GCC AGG ATC GTG CAG GTC TCC ACC GAC GAG GTG TAC GGC
 L E A G T A R I V Q V S T D E V Y G
 W R P A R P G S C R S P P T R C T A
 G G R H G Q D R A G L H R R G V R Q
 M S V P E Q S S S A G I A G L E G *
 C R S P S R P R P R A S R G W S A R
 A D L R A G P V L V R R D G G V R G
 TCG TAG CTC TGC CCG AGG ACC CTG CTC CTG CGC GGC TAG CGG GGG TTG AGC GGG
 23229 23238 23247 23256 23265 23274
 GCG ATC GAG ACG GGC TCC TGG GAC GAG GAC GCG CCG ATC GCC CCC AAC TCG CCC
 S I E T G S W D E D A P I A P N S P
 A S R R A P G T R T R R S P P T R P
 H R D G L L G R G R A D R P Q L A L
 A A D L A P P S M T A R A * A R V W
 R P T W P P R R C P R G R R R G C G
 V R R G L R A A V H D G E G V G A G
 ATG CGC CGC AGG TTC CGC CCG CCG CTG TAC CAG CGG GAG CGG ATG CGG GCG TGG
 23283 23292 23301 23310 23319 23328
 TAC GCG GCG TCC AAG GCG GGC GGC GAC ATG GTC GCC CTC GCC TAC GCC CGC ACC
 Y A A S K A G G D M V A L A Y A R T
 T R R P R R A A T W S P S P T P A P
 R G V Q G G R R H G R P R L R P H P

P S G T L T V R H P L L * P G * * N
 H A A P S R S A T R C C S R A R D T
 M P Q R H A H R P A A V V V P G I L

 GTA CCC GAC GGC CAC TCG CAC TGC GCC ACG CCG TTG TTG ATG CCC GGG ATA GTC
 23337 23346 23355 23364 23373 23382
 CAT GGG CTG CCG GTG AGC GTG ACG CGG TGC GGC AAC AAC TAC GGG CCC TAT CAG

 H G L P V S V T R C G N N Y G P Y Q
 M G C R * A * R G A A T T T G P I S
 W A A G E R D A V R Q Q L R A L S V

 G S F T T G S N V V R S S S P W L M
 G P S P R E A T * W G A A P R G C C
 E R L L D N R Q E G G P Q Q V A V A

 AAG GGC CTC TTC CAG CAA GGC GAC AAG TGG TGG GCC GAC GAC CTG CCG GTG TCG
 23391 23400 23409 23418 23427 23436
 TTC CCG GAG AAG GTC GTT CCG CTG TTC ACC ACC CGG CTG CTG GAC GGC CAC AGC

 F P E K V V P L F T T R L L D G H S
 S R R R S F R C S P P G C W T A T A
 P G E G R S A V H H P A A G R P Q H

 G S Y P S P P L T R S Q T C T D S W
 G A T R P H R C R G P S P A R T R G
 D R Q V P I A A V D P V P H V H G V

 TAG GGC GAC ATG CCC CTA CCG CCG TTG CAG GCC CTG ACC CAC GTG CAC AGG CTG
 23445 23454 23463 23472 23481 23490
 ATC CCG CTG TAC GGG GAT GGC GGC AAC GTC CGG GAC TGG GTG CAC GTG TCC GAC

 I P L Y G D G G N V R D W V H V S D
 S R C T G M A A T S G T G C T C P T
 P A V R G W R Q R P G L G A R V R P

 T R P M R S T A S R P S G P C T * W
 R A P C G A P R R V R A A P A P R G
 V H P A D P Q D G F A P Q R P L D V

 GTG CAC GCC CCG TAG GCC GAC CAG CGG CTT GCG CCC GAC GGC CCC GTC CAG ATG
 23499 23508 23517 23526 23535 23544
 CAC GTG CGG GGC ATC CGG CTG GTC GCC GAA CGC GGG CTG CCG GGG CAG GTC TAC

 H V R G I R L V A E R G L P G Q V Y
 T C G A S G W S P N A G C R G R S T
 R A G H P A G R R T R A A G A G L P

 M A P E A S S V L R S S V C C S S S
 C R P S P R A S W D P V S A V V A P
 V D R A R G L Q G I Q F Q R L L Q Q

 GTG TAG CGC CCG AGC CGG CTC GAC TGG TTA GAC CTT GAC TGC GTT GTT GAC GAC
 23553 23562 23571 23580 23589 23598
 CAC ATC GCG GGC TCG GCC GAG CTG ACC AAT CTG GAA CTG ACG CAA CAA CTG CTG

H I A G S A E L T N L E L T Q Q L L
T S R A R P S * P I W N * R N N C W
H R G L G R A D Q S G T D A T T A G

A R P A P Q S R T S R T G S R F P C
R G P R R S P G P R A H V R G S P V
V G Q A G A P V P D L T Y G V P L S

CTG CGG GAC CCG CGG CCG ACC CTG GCC CAG CTC GCA CAT GGG CTG GCC TTC CCT
23607 23616 23625 23634 23643 23652
GAC GCC CTG GGC GCC GGC TGG GAC CGG GTC GAG CGT GTA CCC GAC CGG AAG GGA

D A L G A G W D R V E R V P D R K G
T P W A P A G T G S S V Y P T G R D
R P G R R L G P G R A C T R P E G T

S R R * E S H S A R R P A S P * A G
R G A S S A T R R G G R R A R S R V
V V P A V R Q A V G A E A R E A V C

GTG CTG GCC GCG ATG AGC GAC ACG CTG CGG GCG GAG CCG CGC GAG CCG ATG CGT
23661 23670 23679 23688 23697 23706
CAC GAC CGG CGC TAC TCG CTG TGC GAC GCC CGC CTC GGC GCG CTC GGC TAC GCA

H D R R Y S L C D A R L G A L G Y A
T T G A T R C A T P A S A R S A T H
R P A L L A V R R P P R R A R L R T

R T D N S C P R A S V T R Q Y A S F
G H T T R A L G R R C R A S T R R S
G T H R E L L A E G V G H A P V G L

GGG GCA CAC AGC AAG CTC GTT CCG GAG CGG CTG TGG CAC GCG ACC ATG CGG CTC
23715 23724 23733 23742 23751 23760
CCC CGT GTG TCG TTC GAG CAA GGC CTC GCC GAC ACC GTG CGC TGG TAC GCC GAG

P R V S F E Q G L A D T V R W Y A E
P V C R S S K A S P T P C A G T P R
P C V V R A R P R R H R A L V R R E

R S Q H S G N F S R A S D S P M A R
G P S T P A T S R A R A T R R C P E
V P V P P L R Q V L A R Q G V A H S

TTG GCC CTG ACC ACC CTC GGC AAC TTG CTC GCG CGC GAC AGG CTG CCG TAC CGA
23769 23778 23787 23796 23805 23814
AAC CGG GAC TGG TGG GAG CCG TTG AAC GAG CGC GCG CTG TCC GAC GGC ATG GCT

N R D W W E P L N E R A L S D G M A
T G T G G S R * T S A R C P T A W L
P G L V G A V E R A R A V R R H G S

A T G V A G M V L P S G A R P S G R
P R A S L V W S * P L A R G R A E G
Q G H R C C G H S P S L G G A P K G

GAC CGG CAC GGC TGT CGT GGG TAC TGA TCC CCT CTC GGG CGG GCG CCC GAA GGG

23823 23832 23841 23850 23859 23868
 CTG GCC GTG CCG ACA GCA CCC ATG ACT AGG GGA GAG CCC GCC CGC GGG CTT CCC

 L A V P T A P M T R G E P A R G L P
 W P C R Q H P * L G E S P P A G F P
 G R A D S T H D * G R A R P R A S P

 R Q G F E K N R T T K W I K W S I Q
 E S V S N K T E R Q K G S K G P S K
 K A S R I R Q K A N N E L N E L L N

 GAA GCG ACT GGC TTA AGA AAC AAA GCG CAA CAA AAG GTC TAA AAG GTC CTC TAA
 23877 23886 23895 23904 23913 23922
 CTT CGC TGA CCG AAT TCT TTG TTT CGC GTT GTT TTC CAG ATT TTC CAG GAG ATT

 L R * P N S L F R V V F Q I F Q E I
 F A D R I L C F A L F S R F S R R F
 S L T E F F V S R C F P D F P G D L

 H R V T Q H G A S G A E D A R M H R
 I A C Q R T V P P A P K M P E C T A
 S P A S D P S R R L R S * R S A H P

 CT ACC GCG TGA CAG ACC ACT GGC CGC CTC GGC CGA AGT AGC CGA GCG TAC ACC
 23931 23940 23949 23958 23967 23976
 TGA TGG CGC ACT GTC TGG TGA CCG GCG GAG CCG GCT TCA TCG GCT CGC ATG TGG

 * W R T V W * P A E P A S S A R M W
 D G A L S G D R R S R L H R L A C G
 (M) A H C L V T G G A G F I G S H V A Q2

 L S Q E A A P V P Y R D E V V E A A
 S A R S L R P C R T D T R S S R L P
 P P E A * G R A G P I P G R R G * R

 GCC TCC GAG ACG AGT CGG CGC CCG TGG CCC ATA GCC AGG AGC TGC TGG AGT CGC
 23985 23994 24003 24012 24021 24030
 CGG AGG CTC TGC TCA GCC GCG GGC ACC GGG TAT CGG TCC TCG ACG ACC TCA GCG

 R R L C S A A G T G Y R S S T T S A
 G G S A Q P R A P G I G P R R P Q R
 E A L L S R G H R V S V L D D L S G

 A G G L T D G L A R V Q E G P R H G
 P V A S R T G S P A C R N V P D T V
 R C R R A H G R P R A G T * R T P S

 CGC CGT GGC GGC TCG CAC AGG GGC TCC CGC GCG TGG ACA AGT GGC CCA GCC ACT
 24039 24048 24057 24066 24075 24084
 GCG GCA CCG CCG AGC GTG TCC CCG AGG GCG CGC ACC TGT TCA CCG GGT CGG TGA

 A A P P S V S P R A R T C S P G R *
 R H R R A C P R G R A P V H R V G D
 G T A E R V P E G A H L F T G S V T

 I H L Q D V P E E G L L S E V V D E
 S T S S T S L S K A S C R N S W T K

R H P A P R C A R R R A A I R G R R
GGC TAC ACC TCG ACC AGC TGT CCG AGA AGC GGC TCG TCG CTA AGC TGG TGC AGA
24093 24102 24111 24120 24129 24138
CCG ATG TGG AGC TGG TCG ACA GGC TCT TCG CCG AGC AGC GAT TCG ACC ACG TCT
P M W S W S T G S S P S S D S T T S
R C G A G R Q A L R R A A I R P R L
D V E L V D R L F A E Q R F D H V F
V E R R E R R L R D T V R H L A E V
W K A A N A A S A I L * E T F L R L
G S R P T R P P P S * D S P S S G *
AGG TGA AGC GCC GCA AGC GCC GCC TCC GCT AGT CAG TGA GCC ACT TCT CGG AGT
24147 24156 24165 24174 24183 24192
TCC ACT TCG CGG CGT TCG CGG CGG AGG CGA TCA GTC ACT CGG TGA AGA GCC TCA
S T S R R S R R R R S V T R * R A S
P L R G V R G G G D Q S L G E E P Q
H F A A F A A E A I S H S V K S L N
V A G V H H A A H V E D V R R Q S G
* P V L T I P L T F R M L A A S R V
S R C W R S P C R S G * * R P A A F
TGA TGC CGT GGT TGC ACT ACC CGT CGC ACT TGG AGT AGT TGC GCC GCG ACG CTT
24201 24210 24219 24228 24237 24246
ACT ACG GCA CCA ACG TGA TGG GCA GCG TGA ACC TCA TCA ACG CGG CGC TGC GAA
T T A P T * W A A * T S S T R R C E
L R H Q R D G Q R E P H Q R G A A N
Y G T N V M G S V N L I N A A L R T
A D R E E T E R G G D R H V P V A L
P T E N K Q K A D E T A T Y P C P S
R R R T R R N R T R R R P T R A R R
GGC CGC AGA GCA AGA AGA CAA AGC GCA GGA GGC AGC GCC ACA TGC CCG TGC CGC
24255 24264 24273 24282 24291 24300
CCG GCG TCT CGT TCT TCT GTT TCG CGT CCT CCG TCG CGG TGT ACG GGC ACG GCG
P A S R S S V S R P P S R C T G T A
R R L V L L F R V L R R G V R A R R
G V S F F C F A S S V A V Y G H G E
G R H P L R R D R Y R G V T V A V R
V G I R S D D I G T G A S L * P L A
S G S A P T T S G P V P R C N R C R
TCT GGG GCT ACG CCC TCA GCA GCT AGG GCC ATG GCC GGC TGT CAA TGC CGT TGC
24309 24318 24327 24336 24345 24354
AGA CCC CGA TGC GGG AGT CGT CGA TCC CGG TAC CGG CCG ACA GTT ACG GCA ACG
R P R C G S R R S R Y R P T V T A T
D P D A G V V D P G T G R Q L R Q R
T P M R E S S I P V P A D S Y G N A

F E R D L A L Q F R R H P G L A Q G
 F S V T S R S S S V V I R V W P R G
 S V * P R A R A P F S S A S G P G A

 GCT TTG AGT GCC AGC TCG CGC TCG ACC TTT GCT GCT ACG CCT GGG TCC CGG ACG
 24363 24372 24381 24390 24399 24408
 CGA AAC TCA CGG TCG AGC GCG AGC TGG AAA CGA CGA TGC GGA CCC AGG GCC TGC

 R N S R S S A S W K R R C G P R A C
 E T H G R A R A G N D D A D P G P A
 K L T V E R E L E T T M R T Q G L P

 E G C E T H V V H V A F P L V H A V
 K V A N R I C L T Y P S H C F M R S
 R * R M G Y A C R T R R I A S C A R

 GGA AGT GGC GTA AGG CAT ACG TGT TGC ACA TGC CGC TTA CCG TCT TGT ACG CGC
 24417 24426 24435 24444 24453 24462
 CCT TCA CCG CAT TCC GTA TGC ACA ACG TGT ACG GCG AAT GGC AGA ACA TGC GCG

 P S P H S V C T T C T A N G R T C A
 L H R I P Y A Q R V R R M A E H A R
 F T A F R M H N V Y G E W Q N M R D

 G I A I R D G N E E V L D Q A T L R
 G * R L A T A M K K L W I R R P S G
 G R D C H P R W K R * G S G A R H A

 TGG GGA TAG CGT TAC GCC AGC GGT AAA AGA AGT TGG TCT AGG ACG CGC CAC TCG
 24471 24480 24489 24498 24507 24516
 ACC CCT ATC GCA ATG CGG TCG CCA TTT TCT TCA ACC AGA TCC TGC GCG GTG AGC

 T P I A M R S P F S S T R S C A V S
 P L S Q C G R H F L Q P D P A R * A
 P Y R N A V A I F F N Q I L R G E P

 D R D V A V A T L H P R E A V D L V
 I E T * P S P P * T R A N L * T L S
 S R P R R R R R D P A P T * S R * P

 GCT AGA GCC AGA TGC CGC TGC CGC CAG TCC ACG CCC GCA AGT CGA TGC AGT TCC
 24525 24534 24543 24552 24561 24570
 CGA TCT CGG TCT ACG GCG ACG GCG GTC AGG TGC GGG CGT TCA GCT ACG TCA AGG

 R S R S T A T A V R C G R S A T S R
 D L G L R R R R S G A G V Q L R Q G
 I S V Y G D G G Q V R A F S Y V K D

 D H V D D H A G G L R L L G P A P G
 M T S T M T R A G S V S F A Q P R A
 C R P R * R A R G R S P S P R P G P

 TGT AGC ACC TGC AGT AGC ACG CGC GGG GGC TCT GCC TCT TCC GGA CCC CGG CCC
 24579 24588 24597 24606 24615 24624
 ACA TCG TGG ACG TCA TCG TGC GCG CCC CCG AGA CGG AGA AGG CCT GGG GCC GGG

T S W T S S C A P P R R R R P G A G
 H R G R H R A R P R D G E G L G P G
 I V D V I V R A P E T E K A W G R A

 E V D A R G A G V G H Q L Q G L G H
 K L T P E D R V L V T S S S A W A T
 R * R R S T G C W C R A P A P G P R

 GGA AGT TGC AGC CGA GCA GGG CGT GGT TGT GGC ACG ACC TCG ACC GGG TCC GGC
 24633 24642 24651 24660 24669 24678
 CCT TCA ACG TCG GCT CGT CCC GCA CCA ACA CCG TGC TGG AGC TGG CCC AGG CCG

 P S T S A R P A P T P C W S W P R P
 L Q R R L V P H Q H R A G A G P G R
 F N V G S S R T N T V L E L A Q A V

 T R R G T D G A V G D R V Q G G P V
 R A A A P T G L W G M A C R G A R S
 A H P P R H G W G G W R A G A R G P

 ACG CAC GCC GCC GGC CAC AGG GGT CGG TGG GGT AGC GCG TGG ACG GGC GGG CCC
 24687 24696 24705 24714 24723 24732
 TGC GTG CGG CGG CCG GTG TCC CCA GCC ACC CCA TCG CGC ACC TGC CCG CCC GGG

 C V R R P V S P A T P S R T C P P G
 A C G G R C P Q P P H R A P A R P G
 R A A A G V P S H P I A H L P A R D

 L H H D G V G G G L L G A L D E A V
 S T I T A * V A V S S A R S T K P S
 R P S P R R C R W R P P G R P R R R

 TGC TCC ACT ACC AGC GGA TGT GGC GGT GGC TCC TCC GGG CGC TCC AGA AGC CGC
 24741 24750 24759 24768 24777 24786
 ACG AGG TGA TGG TCG CCT ACA CCG CCA CCG AGG AGG CCC GCG AGG TCT TCG GCG

 T R * W S P T P P P R R P A R S S A
 R G D G R L H R H R G G P R G L R R
 E V M V A Y T A T E E A R E V F G D

 P R V G R Q R V P E G P G G R P G G
 Q A S V G S A S P S A R V A A H A A
 S P P C G A P P R A R G S R R T P R

 TGA CCC GCC TGT GGG GCG ACC GCC TGC CCG AGC GGG CCT GGC GGC GCA CCC GGC
 24795 24804 24813 24822 24831 24840
 ACT GGG CGG ACA CCC CGC TGG CGG ACG GGC TCG CCC GGA CCG CCG CGT GGG CCG

 T G R T P R W R T G S P G P P R G P
 L G G H P A G G R A R P D R R V G R
 W A D T P L A D G L A R T A A W A A

 G D A G G F Q A G G E L D L D A S L
 E T P G A S S R E E K S I S I P P S
 R R R G R R V A S R R R S R S R R L

 GGA GGC AGC CGG GGC GGC TTG ACG CGA GGA GGA AGC TCT AGC TCT AGC CGC CTC

24849 24858 24867 24876 24885 24894
 CCT CCG TCG GCC CCG CCG AAC TGC GCT CCT CCT TCG AGA TCG AGA TCG GCG GAG

 P P S A P P N C A P P S R S R S A E
 L R R P R R T A L L L R D R D R R R
 S V G P A E L R S S F E I E I G G E

 A D R L P R L T H G V P Q A A G V P
 R T G S H A C H T A S R S L P A S R
 A R G P T P A T H P R G A S R R R G

 TCG CGC AGG GCC TCA CCC GCG TCA CAC ACC GGC TGG CCG ACT CGC CGC GGC TGG
 24903 24912 24921 24930 24939 24948
 AGC GCG TCC CGG AGT GGG CGC AGT GTG TGG CCG ACC GGC TGA GCG GCG CCG ACC

 S A S R S G R S V W P T G * A A P T
 A R P G V G A V C G R P A E R R R P
 R V P E W A Q C V A D R L S G A D R

 S G W G L G D R K S A C R V T S T L
 H D G A W A T E S P L A G S L P P L
 T I G L G L R R A Q F R V Q C H L Y

 CA CTA GGG GTC GGG TTC GGC AGA GCG AAC CTT CGC GTG GAC TGT CAC CTC CAT
 24957 24966 24975 24984 24993 25002
 GGT GAT CCC CAG CCC AAG CCG TCT CGC TTG GAA GCG CAC CTG ACA GTG GAG GTA

 G D P Q P K P S R L E A H L T V E V
 V I P S P S R L A W K R T * Q W R *
 * S P A Q A V S L G S A P D S G G K

 C C H V I K L N P T P Y T F E L R P
 A V T F S R S I R R R T R S S S G H
 P L L S R D Q S E A D P V H V R A T

 TCC GTT GTC ACT TGC TAG AAC TCT AAG CCG CAG CCC ATG CAC TTG AGC TCG GCA
 25011 25020 25029 25038 25047 25056
 AGG CAA CAG TGA ACG ATC TTG AGA TTC GGC GTC GGG TAC GTG AAC TCG AGC CGT

 R Q Q * T I L R F G V G Y V N S S R
 G N S E R S * D S A S G T * T R A V
 A T (V) N D L E I R R R V R E L E P W

 H V V K H V V P D P V G G G G R A V
 T F S K T Y L P T R Y A V A E V R S
 P S R S Q T C R P G T R W R R W A R

 CCC ACT TGC TGA AAC ACA TGT TGC CCC AGG CCA TGC GGT GGC GGA GGT GCG CGC
 25065 25074 25083 25092 25101 25110
 GGG TGA ACG ACT TTG TGT ACA ACG GGG TCC GGT ACG CCA CCG CCT CCA CGC GCG

 G * T T L C T T G S G T P P P P R A
 G E R L C V Q R G P V R H R L H A R
 V N D F V Y N G V R Y A T A S T R D

 V Q Q A L R G L L P G V R E E R R E
 * R S L W G G W S R A S A N K A A N

S G A S G A A G P A P R R T R R P T
 TGA TGG ACG ACT CGG TCG GCG GGG TCC TCG CCC GGC TGC GCA AGA AGC GCC GCA
 25119 25128 25137 25146 25155 25164
 ACT ACC TGC TGA GCC AGC CGC CCC AGG AGC GGG CCG ACG CGT TCT TCG CGG CGT
 T T C * A S R P R S G P T R S S R R
 L P A E P A A P G A G R R V L R G V
 Y L L S Q P P Q E R A D A F F A A F
 R P G L A D Q L E A R Q L A R V G Q
 G P A L R T R S S P A S S P A S V R
 G P P W A R G P A R R A P P R P C G
 AGG GCC CCC GGT TCG CGC AGG ACC TCG AGC CGC GCG ACC TCC CGC GCC TGT GGG
 25173 25182 25191 25200 25209 25218
 TCC CGG GGG CCA AGC GCG TCC TGG AGC TCG GCG CGC TGG AGG GCG CGG ACA CCC
 S R G P S A S W S S A R W R A R T P
 P G G Q A R P G A R R A G G R G H P
 P G A K R V L E L G A L E G A D T L
 R H R S L G A D L D E G Q L A A F L
 A I D P C G P T S I R A R S P R S S
 P S T P V A R R R S G R G P P G R L
 ACC GCT ACA GCC CTG TCG GGC CGC AGC TCT AGG AGC GGG ACC TCC CGG CGC TTC
 25227 25236 25245 25254 25263 25272
 TGG CGA TGT CGG GAC AGC CCG GCG TCG AGA TCC TCG CCC TGG AGG GCC GCG AAG
 W R C R D S P A S R S S P W R A A K
 G D V G T A R R R D P R P G G P R R
 A M S G Q P G V E I L A L E G R E E
 V Q A A G L E D H L H V A D G V H F
 F R R R A S N T M S T C P T V L T S
 S G A G R R T R * P P A R R * W R P
 TCT TGG ACG CGG CGC GGC TCA AGC AGT ACC TCC ACG TGC CGC AGT GGT TGC ACC
 25281 25290 25299 25308 25317 25326
 AGA ACC TGC GCC GCG CCG AGT TCG TCA TGG AGG TGC ACG GCG TCA CCA ACG TGG
 R T C A A P S S S W R C T A S P T W
 E P A P R R V R H G G A R R H Q R G
 N L R R A E F V M E V H G V T N V E
 E P E G V H L R H L E G P E A V E V
 S R S A S T S D I S N A P S P W K S
 V G A R R R P T S P T R R A R G S R
 TTG AGG CCG AGC GGC TGC ACC TCA GCT ACC TCA AGC GGC CCG AGC CGG TGA AGC
 25335 25344 25353 25362 25371 25380
 AAC TCC GGC TCG CCG ACG TGG AGT CGA TGG AGT TCG CCG GGC TCG GCC ACT TCG
 N S G S P T W S R W S S P G S A T S
 T P A R R R G V D G V R R A R P L R
 L R L A D V E S M E F A G L G H F D

G R E A C P E E V V H L P G P L Q E
 A V S Q A P S R * W T C R G Q S S S
 R W A R R L A G R G R A A A R P A A

 TGC GGT GCG AGA CGC GTC CCG AGG AGA TGG TGC ACG TCG CCG GGA CCC TCG ACG
 25389 25398 25407 25416 25425 25434
 ACG CCA CGC TCT GCG CAG GGC TCC TCT ACC ACG TGC AGC GGC CCT GGG AGC TGC

 T P R S A Q G S S T T C S G P G S C
 R H A L R R A P L P R A A A L G A A
 A T L C A G L L Y H V Q R P W E L L

 G V D A G D G V A E V E G G V V P A
 A S M P E T E S Q R * R E V W * Q P
 R R C R S R R R S G R G R W G S S P

 AGC GGC TGT AGC CGA GGC AGA GGC TGA CGG AGA TGG AGA GGT GGG TGA TGA CCC
 25443 25452 25461 25470 25479 25488
 TCG CCG ACA TCG GCT CCG TCT CCG ACT GCC TCT ACC TCT CCA CCC ACT ACT GGG

 S P T S A P S P T A S T S P P T T G
 R R H R L R L R L P L P L H P L L G
 A D I G S V S D C L Y L S T H Y W G

 A R V S H G V E V T R P G G R G R L
 L E S P I V S R S P V R D V G D A F
 C S P R F S R G R R Y A T W G T R S

 CGT CGA GCC TGC CTT ACT GGC TGG AGC TGC CAT GCG CCA GGT GGG GCA GGC GCT
 25497 25506 25515 25524 25533 25542
 GCA GCT CGG ACG GAA TGA CCG ACC TCG ACG GTA CGC GGT CCA CCC CGT CCG CGA

 A A R T E * P T S T V R G P P R P R
 Q L G R N D R P R R Y A V H P V R E
 S S D G M T D L D G T R S T P S A K

 G G R A G P G R G * R R R A S A P G
 V V G L G L G A A E A D V H A P Q V
 S W G S G W A R P R L T S T R Q S S

 TCT GGT GGG GCT CGG GGT CCG GGC GCC GGA GTC GCA GCT GCA CGC GAC CGA CCT
 25551 25560 25569 25578 25587 25596
 AGA CCA CCC CGA GCC CCA GGC CCG CGG CCT CAG CGT CGA CGT GCG CTG GCT GGA

 R P P R A P G P R P Q R R R A L A G
 D H P E P Q A R G L S V D V R W L D
 T T P S P R P A A S A S T C A G W T

 A T A S A R G P A P P S * R H R P A
 P R R Q H A G Q L L R A E G I D L H
 R G D S I R A R S C A P K V S T S T

 GGC CGG CAG CGA CTA CGC GCG GGA CCT CGT CCG CCC GAA GTG GCT ACA GCT CCA
 25605 25614 25623 25632 25641 25650
 CCG GCC GTC GCT GAT GCG CGC CCT GGA GCA GGC GGG CTT CAC CGA TGT CGA GGT

P A V A D A R P G A G L H R C R G
 R P S L M R A L E Q A G F T D V E V
 G R R * C A P W S R R A S P M S R C
 A R A P W P L P R R C R R P R G C P
 Q V L P G R C L D A V D D R G A A L
 S C S R A V A S T Q S M T A A Q R L

 CGA CGT GCT CGC CCG GTG CCG TCT CCA GAC GCT GTA GCA GCG CCG GAC GGC GTT
 25659 25668 25677 25686 25695 25704
 GCT GCA CGA GCG GGC CAC GGC AGA GGT CTG CGA CAT CGT CGC GGC CTG CCG CAA

 A A R A G H G R G L R H R R G L P Q
 L H E R A T A E V C D I V A A C R K
 C T S G P R Q R S A T S S R P A A R

 R R A G S T V S G P R P S L L V C G
 G A H G A R S A A R V L R F S S A D
 A P T G R E H R Q G S S A F P P R M

 CCG GCC GCA CGG GGC GAG CAC TGC GAC GGG CCT GCT CCG CTT TCC TCC TGC GTA
 25713 25722 25731 25740 25749 25758
 GGC CGG CGT GCC CCG CTC GTG ACG CTG CCC GGA CGA GGC GAA AGG AGG ACG CAT

 G R R A P L V T L P G R G E R R T H
 A G V P R S * R C P D E A K G G R I
 P A C P A R D A A R T R R K E D A S

 H G R R C Q V P G R R D L P E S P V
 M V V A V S S R A A A I S R N R R S
 W S W P S V P G P R P S R A T G V P

 GGT ACT GGT GCC GCT GTG ACC TGG CCC GGC GCC GCT AGC TCG CCA AGG CTG CCC
 25767 25776 25785 25794 25803 25812
 CCA TGA CCA CGG CGA CAC TGG ACC GGG CCG CGG CGA TCG AGC GGT TCC GAC GGG

 P * P R R H W T G P R R S S G S D G
 H D H G D T G P G R G D R A V P T G
 (M) T T A T L D R A A A I E R F R R D 01
 A E R V R A R N E G R V R D G T E L
 P K A F A P G T R A G S A I A R R L
 R S R S R P G P E R G P R S R G D *

 TGC CGA AGC GCT TGC GCC CGG GCC AAG AGC GGG GCC TGC GCT AGC GGG CAG AGT
 25821 25830 25839 25848 25857 25866
 ACG GCT TCG CGA ACG CGG GCC CGG TTC TCG CCC CGG ACG CGA TCG CCC GTC TCA

 T A S R T R A R F S P R T R S P V S
 R L R E R G P G S R P G R D R P S Q
 G F A N A G P V L A P D A I A R L K

 R A G F P E D G A E G V L A Q A G V
 A P A S R S M V R K V S S P R R E S
 P P R R V A * * G S * R R P G A S R

 TCC GCC CGC GGC TTG CCG AGT AGT GGG CGA AGT GGC TGC TCC CGG ACG CGA GGC

25875 25884 25893 25902 25911 25920
 AGG CGG GCG CCG AAC GGC TCA TCA CCC GCT TCA CCG ACG AGG GCC TGC GCT CCG

 R R A P N G S S P A S P T R A C A P
 G G R R T A H H P L H R R G P A L R
 A G A E R L I T R F T D E G L R S D

 V V P V E G D L A I L T G D E V A H
 S * Q F K G T S P S S R G T R * R T
 R S S S S G R R P R H A D R G R G R

 TGC TGA TGA CCT TGA AGG GGC AGC TCC CGC TAC TCG CAG GGC AGG AGA TGG CGC
 25929 25938 25947 25956 25965 25974
 ACG ACT ACT GGA ACT TCC CCG TCG AGG GCG ATG AGC GTC CCG TCC TCT ACC GCG

 T T T G T S P S R A M S V P S S T A
 R L L E L P R R G R * A S R P L P R
 D Y W N F P V E G D E R P V L Y R V

 V V Q L L L V P G R F P V Q Q V A L
 C L K S F C S Q A G S R S R S C R S
 A C S P S A P S P G P V P G A A G R

 ACG TGT TGA ACC TCT TCG TCC TGA CCC GGG GCC TTG CCC TGG ACG ACG TGG CGC
 25983 25992 26001 26010 26019 26028
 TGC ACA ACT TGG AGA AGC AGG ACT GGG CCC CGG AAC GGG ACC TGC TGC ACC GCG

 C T T W R S R T G P R N G T C C T A
 A Q L G E A G L G P G T G P A A P R
 H N L E K Q D W A P E R D L L H R E

 F Q R L E G G R E H V A R D H G G G
 S S A C S A A A N T S P G T T G V A
 P V P A A R R R T R P R G P R A W R

 TCC TTG ACC GCG TCG AGC GGC GGC GCA AGC ACC TGC CGG GCC AGC ACG GGT GGC
 26037 26046 26055 26064 26073 26082
 AGG AAC TGG CGC AGC TCG CCG CCG CGT TCG TGG ACG GCC CGG TCG TGC CCA CCG

 R N W R S S P P R S W T A R S C P P
 G T G A A R R R V R G R P G R A H R
 E L A Q L A A A F V D G P V V P T A

 V R E D E L L R V P G R L H W P V T
 * A S T R L S G Y R A A S T G H C R
 R R A R G * P A T G P R P P A M A G

 GGA TGC GCG AGC AGG AGT TCC TCG GCA TGG CCC GGC GCC TCC ACG GTA CCG TGG
 26091 26100 26109 26118 26127 26136
 CCT ACG CGC TCG TCC TCA AGG AGC CGT ACC GGG CCG CGG AGG TGC CAT GGC ACC

 P T R S S S R S R T G P R R C H G T
 L R A R P Q G A V P G R G G A M A P
 Y A L V L K E P Y R A A E V P W H R

 V A D V D A R A R D A I Q A D A Q V
 S R T L T P G R V T Q L R L M Q R S

H G R * R R G A C P R C D S C R G P
 CAC TGG CGC AGT TGC AGC CGG GCG CGT GCC AGA CGT TAG ACT CGT AGA CGG ACC
 26145 26154 26163 26172 26181 26190
 GTG ACC GCG TCA ACG TCG GCC CGC GCA CGG TCT GCA ATC TGA GCA TCT GCC TGG
 V T A S T S A R A R S A I * A S A W
 * P R Q R R P A H G L Q S E H L P G
 D R V N V G P R T V C N L S I C L D
 V G S R V V S A Q L R N R S R V Q E
 S A P G C L P H R S A T G P D C R S
 R R R V A C R I G P P P E P I A G A
 TGC TGC GGC CTG GCG TGT TGC CTA CGG ACC TCC GCC AAG GCC CTA GCG TGG ACG
 26199 26208 26217 26226 26235 26244
 ACG ACG CCG GAC CGC ACA ACG GAT GCC TGG AGG CGG TTC CGG GAT CGC ACC TGC
 T T P D R T T D A W R R F R D R T C
 R R R T A Q R M P G G G S G I A P A
 D A G P H N G C L E A V P G S H L L
 G V V G L H R L H A R G S G H N R D
 G S S A S T A F T R A V P G T T G T
 G R R R R P P S P A R S R V R P E P
 AGG GGC TGC TGC GGC TCC ACC GCT TCC ACG CGC GCT GGC CTG GGC ACC AAG GCC
 26253 26262 26271 26280 26289 26298
 TCC CCG ACG ACG CCG AGG TGG CGA AGG TGC GCG CGA CCG GAC CCG TGG TTC CGG
 S P T T P R W R R C A R P D P W F R
 P R R R R G G E G A R D R T R G S G
 P D D A E V A K V R A T G P V V P V
 R D A L A V H H H V V D P E D V T R
 G T L W P S T T T C S T R S T W P E
 G P * G P R R P P A R R G A R G R N
 AGG GCC AGT CGG TCC CGC TGC ACC ACC ACG TGC TGC AGG CCG AGC AGG TGC CAA
 26307 26316 26325 26334 26343 26352
 TCC CGG TCA GCC AGG GCG ACG TGG TGG TGC ACG ACG TCC GGC TCG TCC ACG GTT
 S R S A R A T W W C T T S G S S T V
 P G Q P G R R G G A R R P A R P R F
 P V S Q G D V V V H D V R L V H G S
 A R V G V A T P P P G D D D L V G V
 P G F A L P L Q R R V M T M S Y A S
 P G S R W R C N A A S W R * R T R R
 GCC CGG GCT TGC GGT TGC CGT CAA CCG CCG CCT GGT AGC AGT AGC TCA TGC GGC
 26361 26370 26379 26388 26397 26406
 CGG GCC CGA ACG CCA ACG GCA GTT GGC GGC GGA CCA TCG TCA TCG AGT ACG CCG
 R A R T P T A V G G G P S S S S T P
 G P E R Q R Q L A A D H R H R V R R
 G P N A N G S W R R T I V I E Y A D

R G C R R R G S R Q A A S R W A S M
 G A A G G A G Q A S R R R A G P L C
 G P R V A P A R L A A G G L A L C V

 TGG GCC GGC GTG GCG GCC GCG GGA CTC GCG ACG CGG CGG CTC GCG GTC CGT CTG
 26415 26424 26433 26442 26451 26460
 ACC CGG CCG CAC CGC CGG CGC CCT GAG CGC TGC GCC GCC GAG CGC CAG GCA GAC

 T R P H R R R P E R C A A E R Q A D
 P G R T A G A L S A A P P S A R Q T
 P A A P P A P * A L R R R A P G R H

 S R C T L S D K P H P N H E G G R V
 R V A P * P T K R I L I I N V A E F
 D F P L D P L R E S S S * T * R R S

 TAG CTT GCC GTC CAG TCC CTC AGA AAG CCT ACT CCT AAT ACA AGT GGC GGA GCT
 26469 26478 26487 26496 26505 26514
 ATC GAA CGG CAG GTC AGG GAG TCT TTC GGA TGA GGA TTA TGT TCA CCG CCT CGA

 I E R Q V R E S F G * G L C S P P R
 S N G R S G S L S D E D Y V H R L E
 R T A G Q G V F R (M) R I M F T A S N GT1

 P R S M V H A H H G Q G P R Q A G R
 Q A P C * M H M T G R A Q A S R A A
 S P P V N C T C P A G P R P A A R R

 TGA CCC GCC CTG TAA TGT ACA CGT ACC ACG GGG ACC GGA CCC GCG ACG CGC GGC
 26523 26532 26541 26550 26559 26568
 ACT GGG CGG GAC ATT ACA TGT GCA TGG TGC CCC TGG CCT GGG CGC TGC GCG CCG

 T G R D I T C A W C P W P G R C A P
 L G G T L H V H G A P G L G A A R R
 W A G H Y M C M V P L A W A L R A A

 S V L D P H R A R R R L F A P D G R
 P C S I R T A H G G D C S R P T A A
 P V R S G P P T G A T A P V R P R R

 GCC CTG TGC TCT AGG CCC ACC GCA CGG GCG GCA GCG TCC TTG CGC CCC AGC GGC
 26577 26586 26595 26604 26613 26622
 CGG GAC ACG AGA TCC GGG TGG CGT GCC CGC CGT CGC AGG AAC GCG GGG TCG CCG

 R D T R S G W R A R R R R N A G S P
 G T R D P G G V P A V A G T R G R R
 G H E I R V A C P P S Q E R G V A A

 G A Q H R D R H E V R R V H H F A G
 V P R I G T G T S S A G S M I S L A
 S R G S A P G P A R R A P C S P F R

 GCT GGC CGG ACT ACG GCC AGG GCC ACG AGC TGC GCG GCC TGT ACT ACC TTT CGC
 26631 26640 26649 26658 26667 26676
 CGA CCG GCC TGA TGC CGG TCC CGG TGC TCG ACG CGC CGG ACA TGA TGG AAA GCG

R P A * C R S R C S T R R T * W K A
D R P D A G P G A R R A G H D G K R
T G L M P V P V L D A P D M M E S A

P Q R E I H L G H V C R R L G T R P
R S A N * T C A M Y V G G C D P G R
G A P T R H A P W T C V A A T R D A

GGG CCG ACC GCA AGA TAC ACG TCC GGT ACA TGT GTG GCG GCG TCA GGC CAG GCG
26685 26694 26703 26712 26721 26730
CCC GGC TGG CGT TCT ATG TGC AGG CCA TGT ACA CAC CGC CGC AGT CCG GTC CGC

P G W R S M C R P C T H R R S P V R
P A G V L C A G H V H T A A V R S A
R L A F Y V Q A M Y T P P Q S G P R

R Q R Q V R E G P L R H L R E V V E
G S G S C G N V P C G I C D S L S K
A A A A A G T * R A A S A T A * R S

CCG GCG ACG GCG ACG TGG GCA AGT GGC CCG TCG GCT ACG TCA GCG AGT TGC TGA
26739 26748 26757 26766 26775 26784
GGC CGC TGC CGC TGC ACC CGT TCA CCG GGC AGC CGA TGC AGT CGC TCA ACG ACT

G R C R C T R S P G S R C S R S T T
A A A A A P V H R A A D A V A Q R L
P L P L H P F T G Q P M Q S L N D F

V G A V Q A V E P L L R D V R H L A
S A P S R R S K Q F F D I S A T C R
R R R R G A R S R S S T S R R P A A

AGC TGC GGC CGC TGG ACG CGC TGA AGA CCT TCT TCA GCT AGC TGC GCC ACG TCG
26793 26802 26811 26820 26829 26838
TCG ACG CCG GCG ACC TGC GCG ACT TCT GGA AGA AGT CGA TCG ACG CGG TGC AGC

S T P A T C A T S G R S R S T R C S
R R R R P A R L L E E V D R R G A A
D A G D L R D F W K K S I D A V Q R

A I V V R H A E A V V P P G V Q H H
L * S L A T L K P S W Q R G S R T T
C S H C R P S S R R G S A A R G P P

CGT CGA TAC TGT TGC GCC ACT CGA AGC CGC TGG TGA CCG CCG GGC TGG ACC ACC
26847 26856 26865 26874 26883 26892
GCA GCT ATG ACA ACG CGG TGA GCT TCG GCG ACC ACT GGC GGC CCG ACC TGG TGG

A A M T T R * A S A T T G G P T W W
Q L * Q R G E L R R P L A A R P G G
S Y D N A V S F G D H W R P D L V V

V V D H G D L A C Q D G R E P A H R
C S M M A T S P A S T A A S R P T G
A R C * P R R P R V P R R A G P R A

ACG TGC TGT AGT ACC GGC AGC TCC CGC GTG ACC AGC GGC GCG AGG CCC CGC ACG

26901	26910	26919	26928	26937	26946
TGC ACG ACA TCA	TGG CCG TCG AGG	GCG CAC TGG TCG	CCG CGC TCC GGG	GCG TGC	
C T T S W P S R A H W S P R S G A C	A R H H G R R G R T G R R A P G R A	H D I M A V E G A L V A A L R G V P			
A D I H R G P E D A G H L G L R P E	L T * T D G P N M P V T S V S G P S	S R R H T A R T * R C R P S R A P A			
GCT CGC AGA TAC ACA GCG GGC CCA AGT AGC CGT GGC ACC TCT GGC TCG GCC CCG	26955	26964	26973	26982	26991
CGA GCG TCT ATG TGT CGC CCG GGT TCA TCG GCA CCG TGG AGA CCG AGC CGG GGC					27000
R A S M C R P G S S A P W R P S R G	E R L C V A R V H R H R G D R A G A	S V Y V S P G F I G T V E T E P G L			
V Q D R R V R Q R A E L L V A D L P	S R T E A S G S D H K S F Y P T S H	R G P R P P G A T T S R S T R R R T			
AGC TGG ACC AGA GCC GCC TGG GCG ACA GCA CGA AGC TCT TCA TGC CGC AGC TCA	27009	27018	27027	27036	27045
TCG ACC TGG TCT CGG CGG ACC CGC TGT CGT GCT TCG AGA AGT ACG GCG TCG AGT					27054
S T W S R R T R C R A S R S T A S S	R P G L G G P A V V L R E V R R R V	D L V S A D P L S C F E K Y G V E W			
A A V P D L V R H V G * R V H R H R	P R S R I W Y A T S G E G S T A T G	P G R G S G T R P P G R V P R P P A			
CCC CGG CGC TGG CCT AGG TCA TGC GCC ACC TGG GGA GTG GCC TGC ACC GCC ACG	27063	27072	27081	27090	27099
GGG GCC GCG ACC GGA TCC AGT ACG CGG TGG ACC CCT CAC CGG ACG TGG CGG TGC					27108
G A A T G S S T R W T P H R T W R C	G P R P D P V R G G P L T G R G G A	G R D R I Q Y A V D P S P D V A V P			
R Q A V R Q P Q G H A V H G V V A G	G S P S A S R S G M R * T G * L P A	A A P R R A A A W A S R A R C R R			
GCG GCG ACC CGC TGC GCG ACG CCG ACG GGT ACG CGA TGC ACG GGA TGT TGC CGC	27117	27126	27135	27144	27153
CGC CGC TGG GCG ACG CGC TGC GGC TGC CCA TGC GCT ACG TGC CCT ACA ACG GCG					27162
R R W A T R C G C P C A T C P T T A	A A G R R A A A H A L R A L Q R R	P L G D A L R L P M R Y V P Y N G A			
L A R V R P L Q P R D P A S A H A D	W P A S G H C S P G I R P L R T H M				

G P R P G T A A P A S G P C V R T C

 GGG TCC CGC GCC TGG GCA CCG TCG ACC CCG GCT AGG CCC CGT CTG CGC ACA CGT
 27171 27180 27189 27198 27207 27216
 CCC AGG GCG CGG ACC CGT GGC AGC TGG GGC CGA TCC GGG GCA GAC GCG TGT GCA

 P R A R T R G S W G R S G A D A C A
 P G R G P V A A G A D P G Q T R V H
 Q G A D P W Q L G P I R G R R V C I

 D P A V R G R A D E A G V Y R R Q P
 T Q P L E A E P M K P A S T G A S R
 R R P C S P R P C R R R R R V P A A

 AGC AGA CCC CGT TGA GCC GGA GCC CGT AGA AGC CGC GGC TGC ATG GCC GCG ACG
 27225 27234 27243 27252 27261 27270
 TCG TCT GGG GCA ACT CGG CCT CGG GCA TCT TCG GCG CCG ACG TAC CGG CGC TGC

 S S G A T R P R A S S A P T Y R R C
 R L G Q L G L G H L R R R R T G A A
 V W G N S A S G I F G A D V P A L R

 V G D V R R H P L A R L H H E R R R
 C A M S A A T R C P A S T T S V A G
 A R W R R P P A A P R P P P A * P A

 CCG TGC GGT AGC TGC GCC GCC ACG CCG TCC CGC GCC TCC ACC ACG AGT GCC GCG
 27279 27288 27297 27306 27315 27324
 GGC ACG CCA TCG ACG CGG CGG TGC GGC AGG GCG CGG AGG TGG TGC TCA CGG CGC

 G T P S T R R C G R A R R W C S R R
 A R H R R G G A A G R G G G A H G A
 H A I D A A V R Q G A E V V L T A P

 L F L H L L Q S R Q R G A D P H Q A
 C S C T S S S P A S G A P T R T S R
 A P V P P P A P L A A P R R G P A A

 GCG TCC TTG TCC ACC TCC TCG ACC CTC GCG ACG GCC GGC CGC AGG CCC ACG ACG
 27333 27342 27351 27360 27369 27378
 GCG AGG AAC AGG TGG AGG AGC TGG GAG CGC TGC CGG CCG GCG TCC GGG TGC TGC

 R R N R W R S W E R C R P A S G C C
 A G T G G G A G S A A G R R P G A A
 Q E Q V E E L G A L P A G V R V L R

 V A R Q L E D E R V A V Q Q H V V A
 L Q G S S S M R G Y Q S R S T C W P
 C S G A P A * G G T S R G A P A G R

 CGT TGA CGG GCG ACC TCG AGT AGG AGG GCA TGA CGC TGG ACG ACC ACG TGG TGC
 27387 27396 27405 27414 27423 27432
 GCA ACT GCC CGC TGG AGC TCA TCC TCC CGT ACT GCG ACC TGC TGG TGC ACC ACG

 A T A R W S S S S R T A T C W C T T
 Q L P A G A H P P V L R P A G A P R
 N C P L E L I L P Y C D L L V H H G

A G V A V H V A D H R P N R L Q G E
 L A L Q * M F P M T A P I G C S D R
 C R W S S C S R C R P P S E A A T G

 CGT CGC GGT TGA CGA TGT ACT TGC CGT AGC ACC GCC CCT AAG GCG TCG ACA GGG
 27441 27450 27459 27468 27477 27486
 GCA GCG CCA ACT GCT ACA TGA ACG GCA TCG TGG CGG GGA TTC CGC AGC TGT CCC

 A A P T A T * T A S W R G F R S C P
 Q R Q L L H E R H R G G D S A A V P
 S A N C Y M N G I V A G I P Q L S L

 G E V V V R Q D A A A T D I G G A G
 A R L * S V S I Q P R R I S G A P A
 R G * S R C A S R R G G Y R D R R R

 AGC GGG AGT TGA TGC TGT GCG ACT AGA CGC CGG CGG CAT AGC TAG GGC GGC CGC
 27495 27504 27513 27522 27531 27540
 TCG CCC TCA ACT ACG ACA CGC TGA TCT GCG GCC GCC GTA TCG ATC CCG CCG GCG

 S P S T T T R * S A A A V S I P P A
 R P Q L R H A D L R P P Y R S R R R
 A L N Y D T L I C G R R I D P A G A

 G Q G Q G A K L G R G L L D L L R Q
 V R V R D P R S A V A S F T S S A S
 W G S G T R G Q P W P R S P R P P A

 GGT GGG ACT GGG ACA GGC CGG AAC TCC GGT GCC GGC TCT TCC AGC TCC TCC GCG
 27549 27558 27567 27576 27585 27594
 CCA CCC TGA CCC TGT CCG GCC TTG AGG CCA CGG CCG AGA AGG TCG AGG AGG CGC

 P P * P C P A L R P R P R R S R R R
 H P D P V R P * G H G R E G R G A
 T L T L S G L E A T A E K V E E A L

 A P H Q E V V A V A P R R L F Q P V
 R R T S N S W R * R R A A S F S R S
 A G P A T R G G S G G P P P S V A P

 ACG CGG CCC ACG ACA AGC TGG TGG CGA TGG CGG CCC GCC GCC TCT TTG ACG CCC
 27603 27612 27621 27630 27639 27648
 TGC GCC GGG TGC TGT TCG ACC ACC GCT ACC GCC GGG CGG CGG AGA AAC TGC GGG

 C A G C C S T T A T A G R R R N C G
 A P G A V R P P L P P G G G E T A G
 R R V L F D H R Y R R A A E K L R D

 A D L P C R R G G R D G P Q Q G A E
 P T S R A G E G A A T A P S S V R R
 R R R A P V K A R R P R R A A S G G

 TGC CGC AGC TCG CCC GTG GAA GCG GGC GGC GCC AGC GGC CCG ACG ACT GGG CGG
 27657 27666 27675 27684 27693 27702
 ACG GCG TCG AGC GGG CAC CTT CGC CCG CCG CGG TCG CCG GGC TGC TGA CCC GCC

T A S S G H L R P P R S P G C * P A
 R R R A G T F A R R G R R A A D P P
 G V E R A P S P A A V A G L L T R L
 H R V A P Q R R L V D G L D H V V G
 T A S P P S D A F S T A S T T S L A
 R P P R R A T P S P R R R P R P C R

 AGC ACC GCC TGC CGC CCG ACA GCC GCT TCC TGC AGC GGC TCC AGC ACC TGT TGC
 27711 27720 27729 27738 27747 27756
 TCG TGG CGG ACG GCG GGC TGT CGG CGA AGG ACG TCG CCG AGG TCG TGG ACA ACG

 S W R T A G C R R R T S P R S W T T
 R G G R R A V G E G R R R G R G Q R
 V A D G G L S A K D V A E V V D N A
 G L S P P A R S L R A S S P V A P R
 V S A R L L A H C D P Q L L S L P G
 W R P E S S R T V I P S F F P C R A

 GGT GGC TCC GAG CCT CCT CGC GCA CTG TTA GCC CGA CTT CTT CCC TGT CGC CCG
 27765 27774 27783 27792 27801 27810
 CCA CCG AGG CTC GGA GGA GCG CGT GAC AAT CGG GCT GAA GAA GGG ACA GCG GGC

 P P R L G G A R D N R A E E G T A G
 H R G S E E R V T I G L K K G Q R A
 T E A R R S A * Q S G * R R D S G P

 R * R P H R S * R S G G T R V A * R
 D D G P T G A E D A G V Q A F P E D
 T T V P P A P K M P E W R H S R S M

 GCA GCA GTG GCC CCC ACG GCC GAA GTA GCC GAG GGT GGA CAC GCT TGC CGA GTA
 27819 27828 27837 27846 27855 27864
 CGT CGT CAC CGG GGG TGC CGG CTT CAT CGG CTC CCA CCT GTG CGA ACG GCT CAT

 R R H R G C R L H R L P P V R T A H
 V V T G G A G F I G S H L C E R L I
 S S P G V P A S S A P T C A N G S S

 A P D T P S R R P C G T W R C S R S
 L P T Q R H G A H V V Q G G A P D R
 S R P R D T V Q T S L R D V P L I A

 GCT CGC CCC AGA CAG CCA CTG GAC GCA CCT GTT GGA CAG GTG GCC GTC CTA GCG
 27873 27882 27891 27900 27909 27918
 CGA GCG GGG TCT GTC GGT GAC CTG CGT GGA CAA CCT GTC CAC CGG CAG GAT CGC

 R A G S V G D L R G Q P V H R Q D R
 E R G L S V T C V D N L S T G R I A
 S G V C R * P A W T T C P P A G S R

 G R R A R R R P A T * A A A P R R S
 V E V R E G V L L P E R Q Q P G V H
 F R S A S A S S S R N V S S R A S T

 CTT GGA GCT GCG CGA GCG GCT GCT CCT CGC CAA GTG CGA CGA CGC CCG GCT GCA

E2

130

27927 27936 27945 27954 27963 27972
 GAA CCT CGA CGC GCT CGC CGA CGA GGA GCG GTT CAC GCT GCT GCG GGC CGA CGT

 E P R R A R R R G A V H A A A G R R
 N L D A L A D E E R F T L L R A D V
 T S T R S P T R S G S R C C G P T *

 R A T R R R P A P G G R R G G P T A
 G L R E G D L P R D V V D D V Q R R
 V S G N E T S P G T W W T T W R A D

 CTG GCT CGG CAA GAG GCA GCT CCC CGG CCA GGT GGT GCA GCA GGT GGA CCG CAG
 27981 27990 27999 28008 28017 28026
 GAC CGA GCC GTT CTC CGT CGA GGG GCC GGT CCA CCA CGT CGT CCA CCT GGC GTC

 D R A V L R R G A G P P R R P P G V
 T E P F S V E G P V H H V V H L A S
 P S R S P S R G R S T T S S T W R R

 P R G G P S D P A A A P S A A P R S
 R G G G Q V I Q R Q R Q L R Q P D A
 G A E G R S * R A S G S S V S R T P

 CCG CCG GAG GGG GGA CCT GAT AGA CCG CGA CGG CGA CCT CTG CGA CGC CCA GCC
 28035 28044 28053 28062 28071 28080
 GCC GGC CTC CCC CCT GGA CTA TCT GGC GCT GCC GCT GGA GAC GCT GCG GGT CGG

 A G L P P G L S G A A A G D A A G R
 P A S P L D Y L A L P L E T L R V G
 R P P P W T I W R C R W R R C G S A

 P R S R S R A A A P P P A R R G S R
 R G P G L V R Q P Q R H R V A G A E
 E A P V S F A S R S A T A C P A R K

 GAG CCG GCC CTG GCT CTT GCG CGA CGC CGA CCG CCA CCG CGT GCC GCG GGC GAA
 28089 28098 28107 28116 28125 28134
 CTC GGC CGG GAC CGA GAA CGC GCT GCG GCT GGC GGT GGC GCA CGG CGC CCG CTT

 L G R D R E R A A A G G G A R R P L
 S A G T E N A L R L A V A H G A R F
 R P G P R T R C G W R W R T A P A S

 P R R W R P S R R P D R R A G A T R
 H D G G G R L D V P I G G L V R L G
 T T A E V E S I * P S G A S C G C D

 GCA CCA GCG GAG GTG GAG CCT CTA GAT GCC CCT AGG GCG GCT CGT GGG CGT CAG
 28143 28152 28161 28170 28179 28188
 CGT GGT CGC CTC CAC CTC GGA GAT CTA CGG GGA TCC CGC CGA GCA CCC GCA GTC

 R G R L H L G D L R G S R R A P A V
 V V A S T S E I Y G D P A E H P Q S
 W S P P P R R S T G I P P S T R S P

 S S S P C R * G S R G A N P T R R P
 L A V P A V D V R D A R T R H V V L

S L * Q P L T L G I P G R E T Y S S
 GCT CTC GAT GAC CCC GTT GCA GTT GGG CTA GCC GGG CGC AAG CCA CAT GCT GCT
 28197 28206 28215 28224 28233 28242
 CGA GAG CTA CTG GGG CAA CGT CAA CCC GAT CGG CCC GCG TTC GGT GTA CGA CGA
 R E L L G Q R Q P D R P A F G V R R
 E S Y W G N V N P I G P R S V Y D E
 R A T G A T S T R S A R V R C T T R
 W V T * R P A S R R R R A C A P R P
 G F P E G L R Q G G G V R A R Q A R
 A L R N V S A S V A A * A R V S P A
 CCG GTT TGC CAA GTG GCT CCG CGA CTG GCG GCG GAT GCG CGC GTG CGA CCC GCG
 28251 28260 28269 28278 28287 28296
 GGC CAA ACG GTT CAC CGA GGC GCT GAC CGC CGC CTA CGC GCG CAC GCT GGG CGC
 G Q T V H R G A D R R L R A H A G R
 A K R F T E A L T A A Y A R T L G A
 P N G S P R R * P P P T R A R W A R
 C R C Q G G T * S R R V A S A G R R
 V G A N G A Q E V G V S R P H A A V
 S V P M A R R N L E * P G R I R R S
 CCT GTG GCC GTA ACG GGC GGA CAA GTT GAG GAT GCC TGG CGC CTA CGC GGC GCT
 28305 28314 28323 28332 28341 28350
 GGA CAC CGG CAT TGC CCG CCT GTT CAA CTC CTA CGG ACC GCG GAT GCG CCG CGA
 G H R H C P P V Q L L R T A D A P R
 D T G I A R L F N S Y G P R M R R D
 T P A L P A C S T P T D R G C A A T
 R A P P A S R * R G P A R R V A A *
 V P P H H R G E D V L R E G S Q R E
 S P R T T G V K M S W A S A P S G S
 GCT GCC CGC CCA CCA CGG CTG GAA GTA GCT GGT CCG CGA GCG GCC TGA CGG CGA
 28359 28368 28377 28386 28395 28404
 CGA CGG GCG GGT GGT GCC GAC CTT CAT CGA CCA GGC GCT CGC CGG ACT GCC GCT
 R R A G G A D L H R P G A R R T A A
 D G R V V P T F I D Q A L A G L P L
 T G G W C R P S S T R R S P D C R S
 W * R C R R G S G T A T S R R P C P
 G D V A A A G L G P R Q A V D L V R
 V M L P L P A W V R D S H * T S S V
 GTG GTA GTT GCC GTC GCC GCG GGT CTG GGC CAG CGA CAC GAT GCA GCT CCT GTG
 28413 28422 28431 28440 28449 28458
 CAC CAT CAA CGG CAG CGG CGC CCA GAC CCG GTC GCT GTG CTA CGT CGA GGA CAC
 H H Q R Q R R P D P V A V L R R G H
 T I N G S G A Q T R S L C Y V E D T
 P S T A A A P R P G R C A T S R T R

A P V S P G S P S T R G P G P * C R
 H P S Q H G Q H V R G E R A R D V D
 T R P S I A R I S E D K G P G T L M

 CCA CGC CCC TGA CTA CCG GGA CTA CCT GAG CAG GAA GGG CCC GGG CCA GTT GTA
 28467 28476 28485 28494 28503 28512
 GGT GCG GGG ACT GAT GGC CCT GAT GGA CTC GTC CTT CCC GGG CCC GGT CAA CAT

 G A G T D G P D G L V L P G P G Q H
 V R G L M A L M D S S F P G P V N I
 C G D * W P * W T R P S R A R S T S

 R S R H S S R G D S R P P S R R V R
 A R G T L H G D T L D R L R D G C E
 P A V P S I V T R * I A S A I A A S

 GCC GCG CTG GCC ACT CTA CTG GCA GGC AGT CTA GCG CCT CCG CTA GCG GCG TGA
 28521 28530 28539 28548 28557 28566
 CGG CGC GAC CGG TGA GAT GAC CGT CCG TCA GAT CGC GGA GGC GAT CGC CGC ACT

 R R D R * D D R P S D R G G D R R T
 G A T G E M T V R Q I A E A I A A L
 A R P V R * P S V R S R R R S P H S

 P L P A A S R T G R A P P P R A R G
 R S H L Q P G L E A R R R L V L G A
 A P T S S R V S N R A G A S S S G P

 GCG CCC TCA CCT CGA CGC CTG GCT CAA GGC GCG CGG CCG CCT CCT GCT CGG GCC
 28575 28584 28593 28602 28611 28620
 CGC GGG AGT GGA GCT GCG GAC CGA GTT CCG CGC GCC GGC GGA GGA CGA GCC CGG

 R G S G A A D R V P R A G G G R A R
 A G V E L R T E F R A P A E D E P G
 R E W S C G P S S A R R R R T S P A

 A S G R C R S R W S S A P S S A R P
 P A A G V D L G G P R L Q A P L G L
 R R Q G S M S V A L V F S P Q F G S

 GGC CGC GAC GGG GCT GTA GCT CTG GCG GTC CTG CTT CGA CCC GAC CTT CGG GCT
 28629 28638 28647 28656 28665 28674
 CCG GCG CTG CCC CGA CAT CGA GAC CGC CAG GAC GAA GCT GGG CTG GAA GCC CGA

 P A L P R H R D R Q D E A G L E A R
 R R C P D I E T A R T K L G W K P E
 G A A P T S R P P G R S W A G S P R

 A A R R L A * A C G A R T P S C R G
 H R E G F P E L A G Q E P P L A G V
 T G S A S P S L R V R S Q H S L V *

 CCA CGG CGA GCG GCT TCC CGA GTT CGC GTG GGA CGA GAC CAC CCT CTC GTG GAT
 28683 28692 28701 28710 28719 28728
 GGT GCC GCT CGC CGA AGG GCT CAA GCG CAC CCT GCT CTG GTG GGA GAG CAC CTA

G A A R R A Q A H P A L V G E H L
 V P L A E G L K R T L L W W E S T Y
 C R S P K G S S A P C S G G R A P T
 A P C P G R R R S R N S R C * S H L
 R P V H G V V A H V T R A V D P T S
 G R S M A W S P T F P E L S M L L P

 GGG CGC CCT GTA CCG GGT GCT GCC GCA CTT GCC AAG CTC GCT GTA GTC CTC ACC
 28737 28746 28755 28764 28773 28782
 CCC GCG GGA CAT GGC CCA CGA CGG CGT GAA CGG TTC GAG CGA CAT CAG GAG TGG

 P A G H G P R R R E R F E R H Q E W
 P R D M A H D G V N G S S D I R S G
 R G T W P T T A * T V R A T S G V E
 P M V L W V G A P L P T R I G R L T
 R C S L G S V P R C P P A S A G S R
 A A H C A L C R G A L P H P H G P A

 TCG CCG TAC TGT TCG GTC TGT GGC CGG CCG TTC CCC CAC GCC TAC GGG GCC TCG
 28791 28800 28809 28818 28827 28836
 AGC GGC ATG ACA AGC CAG ACA CCG GCC GGC AAG GGG GTG CGG ATG CCC CGG AGC

 S G (M) T S Q T P A G K G V R M P R S G-2
 A A * Q A R H R P A R G C G C P G A
 R H D K P D T G R Q G G A D A P E R
 S S S L T T Q S H S S G S P M C T R
 R P V * R P R P T P R G R P C A P A
 D L F E V H D P L P V V G L A H L H

 CAG CTC CTT GAG TTG CAC CAG ACC CTC ACC CTG CTG GGG CTC CCG TAC GTC CAC
 28845 28854 28863 28872 28881 28890
 GTC GAG GAA CTC AAC GTG GTC TGG GAG TGG GAC GAC CCC GAG GGC ATG CAG GTG

 V E E L N V V W E W D D P E G M Q V
 S R N S T W S G S G T T P R A C R C
 R G T Q R G L G V G R P R G H A G A
 S A P * * G R S S Y R R S R A S R I
 A R P S D A G H R T D A R G H R A S
 P E R A I L G T V L I Q A V T G L P

 GCC GAG CGC CCG ATA GTC GGG GCA CTG CTC ATA GAC GCG CTG GCA CGG CTC GCC
 28899 28908 28917 28926 28935 28944
 CGG CTC GCG GGC TAT CAG CCC CGT GAC GAG TAT CTG CGC GAC CGT GCC GAG CGG

 R L A G Y Q P R D E Y L R D R A E R
 G S R A I S P V T S I C A T V P S G
 A R G L S A P * R V S A R P C R A D
 S W N A A A S D R V G S V S R N S I
 R G T P R P A T G S G P C R D T R S
 D V L Q G R R Q G Q G R V G I Q E L

 TAG CTG GTC AAC CGG CGC CGC GAC AGG GAC TGG GGC CTG TGG CTA GAC AAG CTC

28953 28962 28971 28980 28989 28998
 ATC GAC CAG TTG GCC GCG GCG CTG TCC CTG ACC CCG GAC ACC GAT CTG TTC GAG

 I D Q L A A A L S L T P D T D L F E
 S T S W P R R C P * P R T P I C S R
 R P V G R G A V P D P G H R S V R D

 P L P S P T M A R S S A G R T P L R
 R C R R P R * P G R A P A G P R C G
 D A A A L A D H G A L Q R G P D A A

 TAG CCG TCG CCG CTC CCG CAG TAC CGG GCG CTC GAC CGC GGG GCC CAG CCG TCG
 29007 29016 29025 29034 29043 29052
 ATC GGC AGC GGC GAG GGC GTC ATG GCC CGC GAG CTG GCG CCC CGG GTC GGC AGC

 I G S G E G V M A R E L A P R V G S
 S A A A R A S W P A S W R P G S A A
 R Q R R G R H G P R A G A P G R Q P

 S H A S T L R D N R S F V R A V Q A
 A T R P R * G T T G P S S G R W R H
 Q Q A R V D A Q R E Q L L G A G G T

 GAC GAC ACG CGC CTG CAG TCG GAC AGC AAG GAC CTC TTC TGG GCG CGG TGG ACA
 29061 29070 29079 29088 29097 29106
 CTG CTG TGC GCG GAC GTC AGC CTG TCG TTC CTG GAG AAG ACC CGC GCC ACC TGT

 L L C A D V S L S F L E K T R A T C
 C C A R T S A C R S W R R P A P P V
 A V R G R Q P V V P G E D P R H L C

 P R G L T V * W W M R F S * R A P S
 P A A W R * R G G C G S R S G P R V
 R P P G V D G V V V D P V V V Q G S

 CGC CCC GCC GGG TTG CAG TGG ATG GTG GTG TAG GCC TTG CTG ATG GAC CGG CCT
 29115 29124 29133 29142 29151 29160
 GCG GGG CGG CCC AAC GTC ACC TAC CAC CAC ATC CGG AAC GAC TAC CTG GCC GGA

 A G R P N V T Y H H I R N D Y L A G
 R G G P T S P T T T S G T T T W P D
 G A A Q R H L P P H P E R L P G R T

 G S A E K S A P N A S L T K M W R F
 E P R R R R R R I R A * R R * G G S
 K R V G G E V G S E R E V D E D V Q

 GAA GGC CTG CGG AGG AAG CTG CGG CCT AAG CGC GAG TTG CAG AAG TAG GTG GAC
 29169 29178 29187 29196 29205 29214
 CTT CCG GAC GCC TCC TTC GAC GCC GGA TTC GCG CTC AAC GTC TTC ATC CAC CTG

 L P D A S F D A G F A L N V F I H L
 F R T P P S T P D S R S T S S T *
 S G R L L R R R I R A Q R L H P P E

 A K S T * R * R R S I R R T S R G P
 R R R P R G R G A R S G A P A A A R

V G E L D V E V Q A L D P P H Q P G

 TTG CGG AAG CTC CAG ATG GAG ATG GAC GCG CTC TAG GCC GCC CAC GAC GCC GGG
 29223 29232 29241 29250 29259 29268
 AAC GCC TTC GAG GTC TAC CTC TAC CTG CGC GAG ATC CGG CGG GTG CTG CGG CCC

 N A F E V Y L Y L R E I R R V L R P
 T P S R S T S T C A R S G G C C G P
 R L R G L P L P A R D P A G A A A R

 P R N R K L * R S K P S T V L G C N
 R G T G R * S G P S R R P * W A A T
 A A P E E E V V Q V E A L D G P R L

 CCG CCG GCC AAG GAG AAG TTG ATG GAC CTG AAG CCG CTC CAG TGG TCC GGC GTC
 29277 29286 29295 29304 29313 29322
 GGC GGC CGG TTC CTC TTC AAC TAC CTG GAC TTC GGC GAG GTC ACC AGG CCG CAG

 G G R F L F N Y L D F G E V T R P Q
 A A G S S S T T W T S A R S P G R S
 R P V P L Q L P G L R R G H Q A A V

 W S Y T L L * G P A C G T A T L P N
 G R T R * S S G R P A G P R R * P I
 E V L V D L A V G P R V R D G D L S

 AAG GTG CTC ATG CAG TTC TCG ATG GGG CCC CGC GTG GGC CAG CGG CAG TTC CCT
 29331 29340 29349 29358 29367 29376
 TTC CAC GAG TAC GTC AAG AGC TAC CCC GGG GCG CAC CCG GTC GCC GTC AAG GGA

 F H E Y V K S Y P G A H P V A V K G
 S T S T S R A T P G R T R S P S R D
 P R V R Q E L P R G A P G R R Q G I

 M D Q S P V S T T R L S A A S A P S
 * T R A R C R R P G C A R P P P R A
 E H G P E A G V H D A L E R R L G P

 AAG TAC AGG ACC GAG CCG TGG CTG CAC CAG GCG TTC GAG CGC CGC CTC CGG CCC
 29385 29394 29403 29412 29421 29430
 TTC ATG TCC TGG CTC GGC ACC GAC GTG GTC CGC AAG CTC GCG GCG GAG GCC GGG

 F M S W L G T D V V R K L A A E A G
 S C P G S A P T W S A S S R R R P G
 H V L A R H R R G P Q A R G G G R A

 V G T G P D C S S W P P T Q K R V R
 S V P V R T A R R G P R R R S G * G
 Q C R Y G P R V V V L A A D A E E G

 GAC TGT GGC CAT GGG CCC AGC GTG CTG CTG GTC CCG CCG CAG ACG AAG GAG TGG
 29439 29448 29457 29466 29475 29484
 CTG ACA CCG GTA CCC GGG TCG CAC GAC GAC CAG GGC GGC GTC TGC TTC CTC ACC

 L T P V P G S H D D Q G G V C F L T
 * H R Y P G R T T T R A A S A S S P
 D T G T R V A R R P G R R L L P H P

R L S C S A A H P V A R Q S P L A G
 A C P V P P Q T L Y R V S P R C P G
 Q A P F L L S R S T G C A P V A L G

 GAC GCG TCC CTT GTC CTC CGA CGC ACT CCA TGG CGT GCG ACC CTG CCG TTC CGG
 29493 29502 29511 29520 29529 29538
 CTG CGC AGG GAA CAG GAG GCT GCG TGA GGT ACC GCA CGC TGG GAC GGC AAG GCC

 L R R E Q E A A * G T A R W D G K A
 C A G N R R L R E V P H A G T A R P
 A Q G T G G C (V) R Y R T L G R Q G P 21

 L D G G D A Q A G P R Q A P E P A A
 S T E E T Q R P V Q A S L P N Q P L
 R P R R R R G P C R P A S R T R P C

 GGC TCC AGA GGA GGC AGA CGG ACC CGT GGA CCC GCG ACT CGC CCA AGA CCC CGT
 29547 29556 29565 29574 29583 29592
 CCG AGG TCT CCT CCG TCT GCC TGG GCA CCT GGG CGC TGA GCG GGT TCT GGG GCA

 P R S P P S A W A P G R * A G S G A
 R G L L R L P G H L G A E R V L G Q
 E V S S V C L G T W A L S G F W G S

 P G L R G D L R D P A R E V Q A D V
 R V S G A T S A T R R A N S R P T L
 G S R A P R R P P G A R T R G P R *

 CGG CCT GGC TCG GCC GGC AGC TCC GCC AGG CCG CGC GCA AGC TGG ACC CGC AGT
 29601 29610 29619 29628 29637 29646
 GCC GGA CCG AGC CGG CCG TCG AGG CGG TCC GGC GCG CGT TCG ACC TGG GCG TCA

 A G P S R P S R R S G A R S T W A S
 P D R A G R R G G P A R V R P G R Q
 R T E P A V E A V R R A F D L G V N

 E E V G R V G V A R A H G L R S Q G
 K K S V A C A * P A P M A S A P S A
 S R R C R A R R R R P C P R P P V P

 TGA AGA AGC TGT GGC GCG TGC GGA TGC CGC GCC CGT ACC GGC TCC GCC CTG ACC
 29655 29664 29673 29682 29691 29700
 ACT TCT TCG ACA CCG CGC ACG CCT ACG GCG CGG GCA TGG CCG AGG CGG GAC TGG

 T S S T P R T P T A R A W P R R D W
 L L R H R A R L R R G H G R G G T G
 F F D T A H A Y G A G M A E A G L A

 A A Q A V Q Q A G T A G V D D D R R
 R P R P S R S R V R R E S M T M E V
 G R G P R G A A C G D S R C R * R S

 GGG CGC CGG ACC CGC TGG ACG ACG CGT GGG CAG CGA GGC TGT AGC AGT AGA GCT
 29709 29718 29727 29736 29745 29754
 CCC GCG GCC TGG GCG ACC TGC TGC GCA CCC GTC GCT CCG ACA TCG TCA TCT CGA

P A A W A T C C C A P V A P T S S S R
 P R P G R P A A H P S L R H R H L D
 R G L G D L L R T R R S D I V I S T
 L A A Q L Q P A V T H D A V A V G T
 F P P R S S R P S P T T R L L S A P
 S P R G P A A P R R H P G C C R R R

 GCT TCC CGC CGG ACC TCG ACG CCC CGC TGC CAC ACC AGG CGT TGT CGC TGC GGC
 29763 29772 29781 29790 29799 29808
 CGA AGG GCG GCC TGG AGC TGC GGG GCG ACG GTG TGG TCC GCA ACA GCG ACG CCG

 R R A A W S C G A T V W S A T A T P
 E G R P G A A G R R C G P Q Q R R R
 K G G L E L R G D G V V R N S D A G

 E Q A G V Q G V A Q A R Q P G V V H
 K R R A L R V S L R R E S P V S * T
 N G A R W G S R C G A S A P S R S R

 CAA AGG ACG CGC GGT TGG ACT GGC TGT CGG ACG CGA GCG ACC CCT GGC TGA TGC
 29817 29826 29835 29844 29853 29862
 GTT TCC TGC GCG CCA ACC TGA CCG ACA GCC TGC GCT CGC TGG GGA CCG ACT ACG

 V S C A P T * P T A C A R W G P T T
 F P A R Q P D R Q P A L A G D R L R
 F L R A N L T D S L R S L G T D Y V

 V H E Q D V P G V R P D R R G L R R
 S T N R T W Q G S G L T G G A S V A
 P R T G P G S A R G S P G A P R S P

 ACC TGC ACA AGG ACC AGG TGA CCG GGC TGG GCT CCC AGG GCG GCC GGC TCT GCC
 29871 29880 29889 29898 29907 29916
 TGG ACG TGT TCC TGG TCC ACT GGC CCG ACC CGA GGG TCC CGC CGG CCG AGA CCG

 W T C S W S T G P T R G S R R P R R
 G R V P G P L A R P E G P A G R D G
 D V F L V H W P D P R V P P A E T A

 T R Q R P E H L F P E G P V H A D G
 P A S A P N T S S P S A R Y T P T E
 P H A P P T R P P L A R G T R P R R

 GCC CAC GCG ACC GCC CCA AGC ACC TCC TTC CCG AGC GGG CCA TGC ACC CGC AGA
 29925 29934 29943 29952 29961 29970
 CGG GTG CGC TGG CGG GGT TCG TGG AGG AAG GGC TCG CCC GGT ACG TGG GCG TCT

 R V R W R G S W R K G S P G T W A S
 G C A G G V R G G R A R P V R G R L
 G A L A G F V E E G L A R Y V G V S

 V E G D L F H G F E G G D D G R L D
 L K V T S S I A S N E E T T V G C T
 W S * R R P F P R I R R R R * G A P

 GGT TGA AGT GGC AGC TCC TTT ACC GGC TTA AGA GGA GGC AGC AGT GGG GCG TCC

29979..... 29988..... 29997..... 30006..... 30015..... 30024
 CCA ACT TCA CCG TCG AGG AAA TGG CCG AAT TCT CCT CCG TCG TCA CCC CGC AGG

 P T S P S R K W P N S P P S S P R R
 Q L H R R G N G R I L L R R H P A G
 N F T V E E M A E F S S V V T P Q V

 G L H R E V H E V A A D L L L H Q R
 A W T G N L M S S R P M S F C T S G
 R G P A T * C A R G R C R S A P A A

 AGC GGG TCC ACG GCA AGT TGT ACG AGC TGG CGC CGT AGC TCT TCG TCC ACG ACG
 30033 30042 30051 30060 30069 30078
 TCG CCC AGG TGC CGT TCA ACA TGC TCG ACC GCG GCA TCG AGA AGC AGG TGC TGC

 S P R C R S T C S T A A S R S R C C
 R P G A V Q H A R P R H R E A G A A
 A Q V P F N M L D R G I E K Q V L P

 V A G S G P D A D H P P R R E R V P
 C Q A A A P I P T M P H D A S A C P
 A S R R Q R S R R * P T T P A R A R

 CG TGA CGC GGC GAC GGC CCT AGC CGC AGT ACC CCA CCA GCC GCG AGC GCG TGC
 30087 30096 30105 30114 30123 30132
 CGC ACT GCG CCG CTG CCG GGA TCG GCG TCA TGG GGT GGT CCG CGC TCG CGC ACG

 R T A P L P G S A S W G G R R S R T
 A L R R C R D R R H G V V G A R A R
 H C A A A G I G V M G W S A L A H G

 H Q R S R E T G A L H E R G V V P A
 T S A P A S R G P W T N G G S S Q R
 P A P P L A G D R G P T G A R R S A

 CCC ACG ACC GCC CTC GCG AGG CAG GGC CGG TCC ACA AGG GCG GGC TGC TGA CCG
 30141 30150 30159 30168 30177 30186
 GGG TGC TGG CCG GAG CGC TCC GTC CCG GCC AGG TGT TCC CGC CCG ACG ACT GGC

 G C W R E R S V P A R C S R P T T G
 G A G G S A P S R P G V P A R R L A
 V L A G A L R P G Q V F P P D D W R

 G V G R G E L A F A E G L Q E R G H
 A * E G V K W P S R K A L S S A A T
 R R S G S R G P R V S R W A A R P R

 CGC GGA TGA GGG GCT GGA AGG TCC CGC TTG CGA AGC GGT TCG ACG AGC GCC GGC
 30195 30204 30213 30222 30231 30240
 GCG CCT ACT CCC CGA CCT TCC AGG GCG AAC GCT TCG CCA AGC TGC TCG CGG CCG

 A P T P R P S R A N A S P S C S R P
 R L L P D L P G R T L R Q A A R G R
 A Y S P T F Q G E R F A K L L A A V

 V P Q L L E G G F A P V T D G L E R
 S R S F S N A A S R P C L T A W S A

P G A S P T R R R V R A C H R G A R
 ACC TGG CCG ACT TCC TCA AGC GGC GGC TTG CGC CCG TGT CAC AGC GGG TCG AGC
 30249 30258 30267 30276 30285 30294
 TGG ACC GGC TGA AGG AGT TCG CCG CCG AAC GCG GGC ACA GTG TCG CCC AGC TCG
 W T G * R S S P P N A G T V S P S S
 G P A E G V R R R T R A Q C R P A R
 D R L K E F A A E R G H S V A Q L A
 K G P H Q G V G R S D D R D D A G L
 S A Q T S A W G E P T M G T M P A W
 A Q R P A P G G R P L * G P * R R G
 GCG AAC GGA CCC ACG ACC GGG TGG GGA GCC CTC AGT AGG GCC AGT AGC CGC GGG
 30303 30312 30321 30330 30339 30348
 CGC TTG CCT GGG TGC TGG CCC ACC CCT CGG GAG TCA TCC CGG TCA TCG GCG CCC
 R L P G C W P T P R E S S R S S A P
 A C L G A G P P L G S H P G H R R P
 L A W V L A H P S G V I P V I G A Q
 K G L V Q L V A D P G H V E V E V L
 S G S C R S S L T R A T S R S R S S
 A E R A G P P C R G P R P G R G R R
 TCG AAG GGC TCG TGG ACC TCC TGT CGC AGG CCC GGC ACC TGG AGC TGG AGC TGC
 30357 30366 30375 30384 30393 30402
 AGC TTC CCG AGC ACC TGG AGG ACA GCG TCC GGG CCG TGG ACC TCG ACC TCG ACG
 S F P S T W R T A S G P W T S T S T
 A S R A P G G Q R P G R G P R P R R
 L P E H L E D S V R A V D L D L D E
 G L Q A G Q V F Q Q G V R G L Q V A
 A S S R A R S S S A S A G S S S P
 P R A A R G P R V A P R R A R A P R
 TCC GGC TCG ACG CGC GGG ACC TGC TTG ACG ACC GGC TGC GCG GGC TCG ACC TGC
 30411 30420 30429 30438 30447 30456
 G CCG AGC TGC GCG CCC TGG ACG AAC TGC TGG CCG ACG CGC CCG AGC TGG ACG
 R P S C A P W T N C W P T R P S W T
 G R A A R P G R T A G R R A R A G R
 A E L R A L D E L L A D A P E L D G
 A P V L R G R A F L P R D S T A V S
 L P S W G G A R S S L D T Q P P W P
 C R P G V A R A R L S T P R L H G R
 CGT CGC CCC TGG TTG GCG GGC GCG CGC TTC TCT CCA GCC AGA CTC CAC CGG TGC
 30465 30474 30483 30492 30501 30510
 GCA GCG GGG ACC AAC CGC CCG CGC GCG AAG AGA GGT CGG TCT GAG GTG GCC ACG
 A A G T N R P R A K R G R S E V A T
 Q R G P T A R A R R E V G L R W P R
 S G D Q P P A R E E R S V * G G H G

I G T G W S L S Q Y S W N V T S I M
 S A R G G A * R S T R G T S R R S *
 L H G D G L E V V P V V L Q G D L D

 CTC TAC GGG CAG GGG GTC GAG TTG CTG ACC ATG CTG GTC AAC TGG CAG CTC TAG
 30519 30528 30537 30546 30555 30564
 GAG ATG CCC GTC CCC CAG CTC AAC GAC TGG TAC GAC CAG TTG ACC GTC GAG ATC

 E (M) P V P Q L N D W Y D Q L T V E I
 R C P S P S S T T G T T S * P S R S
 D A R P P A Q R L V R P V D R R D H

 S R T Q A G S E P Q R S M P A P P P
 R V P R R G R S R S G P C R H R R R
 D F P D A G G V G A A Q V D T G A A

 TAG CTT GCC CAG ACG CGG GGG CTG AGG CCG ACG GAC CTG TAG CCA CGG CCG CCG
 30573 30582 30591 30600 30609 30618
 ATC GAA CGG GTC TGC GCC CCC GAC TCC GGC TGC CTG GAC ATC GGT GCC GGC GGC

 I E R V C A P D S G C L D I G A G G
 S N G S A P P T P A A W T S V P A A
 R T G L R P R L R L P G H R C R R R

 S I R V C M R R A A G R P R C K A T
 R S G * A C A G P R G A P G A S R P
 A L D E R V H A P G G R P A P V E R

 CCG CTC TAG GAG TGC GTG TAC GCG GCC CGG CGG GGC GCC CCG GCC GTG AAG CGC
 30627 30636 30645 30654 30663 30672
 GGC GAG ATC CTC ACG CAC ATG CGC CGG GCC GCC CCG CGG GGC CGG CAC TTC GCG

 G E I L T H M R R A A P R G R H F A
 A R S S R T C A G P P R G A G T S R
 R D P H A H A P G R P A G P A L R G

 S G S G C Y A S C S R R S K G S T V
 R A A A A T R R V A A G R S G R P *
 D L R Q R L V G F L Q A A V E G L D

 CAG CTC GGC GAC GGC GTC ATG CGG CTT GTC GAC GCG GCG CTG AAG GGG CTC CAG
 30681 30690 30699 30708 30717 30726
 GTC GAG CCG CTG CCG CAG TAC GCC GAA CAG CTG CGC CGC GAC TTC CCC GAG GTC

 V E P L P Q Y A E Q L R R D F P E V
 S S R C R S T P N S C A A T S P R S
 R A A A A V R R T A A P R L P R G H

 T H C A A A A A V G P R S L K T W T
 P I A P R R P R W G Q G P C S R G R
 R Y P L G G R G G G R A P V A E D V

 TGC CAT ACC GTC CGG CGG CGC CGG CGG TGG GGA CCG GCC CTG TCG AAG CAG GTG
 30735 30744 30753 30762 30771 30780
 ACG GTA TGG CAG GCC GCC GCG GCC GCC ACC CCT GGC CGG GAC AGC TTC GTC CAC

66

T V W Q A A A A T P P G R D S F V H
 R Y G R P P R P P L A G T A S S T
 G M A G R R G R H P W P G Q L R P R
 T E L G P * L P R R R R G Y S R A S
 P R W G R S C R G A G G D T R G R R
 H D G V G A V A A Q A A T R V V A G

 CAC CAG AGG TTG GGG CCG ATG TCG CCG GAC GCG GCG GCA GGC ATG CTG GCG CGG
 30789 30798 30807 30816 30825 30834
 GTG GTC TCC AAC CCC GGC TAC AGC GGC CTG CGC CGC CGT CCG TAC GAC CGC GCC

 V V S N P G Y S G L R R R P Y D R A
 W S P T P A T A A C A A V R T T A P
 G L Q P R L Q R P A P P S V R P R R
 S V R S S I A T S V T R R S S T T G
 R S G P L S R P P C R V D P R R R G
 V L G Q F L D R H V G Y T Q V V D D

 CTG CTC TGG GAC CTT CTC TAG CGC CAC CTG TGG CAT GCA GAC CTG CTG CAG CAG
 30843 30852 30861 30870 30879 30888
 GAC GAG ACC CTG GAA GAG ATC GCG GTG GAC ACC GTA CGT CTG GAC GAC GTC GTC

 D E T L E E I A V D T V R L D D V V
 T R P W K R S R W T P Y V W T T S S
 R D P G R D R G G H R T S G R R R P
 S S A R T S R T L T S T S P P S T P
 R P R G R P G P * P P R P P R R P P
 G L V G A H V Q D L H V H L A A L H

 GGG CTC CTG CGG GCG CAC CTG GAC CAG TTC CAC CTG CAC CTC CCG CCG CTC CAC
 30897 30906 30915 30924 30933 30942
 CCC GAG GAC GCC CGC GTG GAC CTG GTC AAG GTG GAC GTG GAG GGC GGC GAG GTG

 P E D A R V D L V K V D V E G G E V
 P R T P A W T W S R W T W R A A R W
 R G R P R G P G Q G G R G G R R G G
 A R R P A A S S S R R C D G T T T K
 R G A R P P R A A A G A T G R P P R
 A G Q A P R G L Q Q A P L G G H H D

 CCG CGG GAC GCG CCC CGC CGG CTC GAC GAC GCG GCC GTC AGG GGG CAC CAC CAG
 30951 30960 30969 30978 30987 30996
 GGC GCC CTG CGC GGG GCG GCC GAG CTG CTG CGC CGG CAG TCC CCC GTG GTG GTC

 G A L R G A A E L L R R Q S P V V V
 A P C A G R P S C C A G S P P W W S
 R P A R G G R A A A P A V P R G G L
 S C P P S W A I R S * P V V L S S R
 R V R R R G R S A R S R C W W R R G
 E F V A A V V R H A V V A G G A V V

 AAG CTT GTG CCG CCG CTG GTG CGC TAC GCG CTG ATG CCG TGG TGG TCG CTG CTG

31005 31014 31023 31032 31041 31050
 TTC GAA CAC GGC GGC GAC CAC GCG ATG CGC GAC TAC GGC ACC ACC AGC GAC GAC

 F E H G G D H A M R D Y G T T S D D
 S N T A A T T R C A T T A P P A T T
 R T R R R P R D A R L R H H Q R R P

 H A S S T S S R P * V S Y V R G P Q
 T P A A P R R G R S C A T C G A P S
 Q P R Q Q D V V E A V R Q V G Q R A

 GAC ACC CGC GAC GAC CAG CTG CTG GAG CCG ATG TGC GAC ATG TGG GAC GGC CCG
 31059 31068 31077 31086 31095 31104
 CTG TGG GCG CTG CTG GTC GAC GAC CTC GGC TAC ACG CTG TAC ACC CTG CCG GGC

 L W A L L V D D L G Y T L Y T L P G
 C G R C W S T T S A T R C T P C R A
 V G A A G R R P R L H A V H P A G L

 S A A S G P R S R A A R A A S S R V
 A P P P A P G R G P R E R R R A A C
 P Q R R L R A E V P G S E G G L Q A

 ACC GAC CGC CGC CTC GGC CCG GAG CTG GCC CGG CGA GAG CGG CGG CTC GAC GCG
 31113 31122 31131 31140 31149 31158
 TGG CTG GCG GCG GAG CCG GGC CTC GAC CGG GCC GCT CTC GCC GCC GAG CTG CGC

 W L A A E P G L D R A A L A A E L R
 G W R R S R A S T G P L S P P S C A
 A G G G A G P R P G R S R R R A A H

 C H Y K T A S R P G R D A R E G R P
 A T T S R R R D R A G T R G N G G L
 R L P V E D G I A P G Q G G T G G S

 TGC GTC ACC ATG AAG CAG CGG CTA GCG CCC GGG GAC AGG CGG GCA AGG GGG GCT
 31167 31176 31185 31194 31203 31212
 ACG CAG TGG TAC TTC GTC GCC GAT CGC GGG CCC CTG TCC GCC CGT TCC CCC CGA

 T Q W Y F V A D R G P L S A R S P R
 R S G T S S P I A G P C P P V P P E
 A V V L R R R S R A P V R P F P P R

 S T C E V H G I C S G G G E G G E R
 L L A N S M V S V V A G E R A E R A
 S F H M R C S R Y L Q G R G R R G R

 CCT CTT CAC GTA AGC TGT ACT GGC TAT GTT GAC GGG GGA GGG AGC GGA GGG AGC
 31221 31230 31239 31248 31257 31266
 GGA GAA GTG CAT TCG ACA TGA CCG ATA CAA CTG CCC CCT CCC TCG CCT CCC TCG

 G E V H S T * P I Q L P P P S P P S
 E K C I R H D R Y N C P L P R L P R
 R S A F D (M) T D T T A P S L A S L A

 D G F A M D P L G A Q E R L V D G G
 T G S H W I R S V P R S G S C T V A

03

P G R I G Y G P S R G A G P A R * R
GCC AGG GGC TTA CGG TAT AGG CCC TCT GGC CGG ACG AGG GCC TCG TGC AGT GGC
31275 31284 31293 31302 31311 31320
CGG TCC CCG AAT GCC ATA TCC GGG AGA CCG GCC TGC TCC CGG AGC ACG TCA CCG
R S P N A I S G R P A C S R S T S P
G P R M P Y P G D R P A P G A R H R
V P E C H I R E T G L L P E H V T A
E P P L T H Q G H A A Q Q A G G F Q
K R R C P T S A T R P R S L G A S S
R G A A P H A P R A R G A S G R R V
GGA AGG CCG CCG TCC CAC ACG ACC GGC ACG CGC CGG ACG ACT CGG GGC GGC TTG
31329 31338 31347 31356 31365 31374
CCT TCC GGC GGC AGG GTG TGC TGG CCG TGC GCG GCC TGC TGA GCC CCG CCG AAC
P S G G R V C W P C A A C * A P P N
L P A A G C A G R A R P A E P R R T
F R R Q G V L A V R G L L S P A E L
L R H L L R R G A Q D V V G P A G P
S D T C S A A A P R I S S A Q R V R
P T P A P P P P R G S R R R R A C G
ACC TCA GCC ACG TCC TCC GCC GCC GGC CGG ACT AGC TGC TGC GGA CCG CGT GGC
31383 31392 31401 31410 31419 31428
TGG AGT CGG TGC AGG AGG CCG CGG CCG GCC TGA TCG ACG ACG CCT GGC GCA CCC
W S R C R R R R P A * S T T P G A P
G V G A G G G G R P D R R R L A H P
E S V Q E A A A G L I D D A W R T R
G H V V G D P R Q L G V L G V R G R
D M C S V M Q V S S G W S G S A A G
T W A R C W R S A P A G R A R R P G
CCA GGT ACG TGC TGT GGT AGA CCT GCG ACC TCG GGG TGC TCG GGC TGC GCC GGC
31437 31446 31455 31464 31473 31482
CT CCA TGC ACG ACA CCA TCT GGA CGC TGG AGC CCC ACG AGC CCG ACG CGG CCC
G P C T T P S G R W S P T S P T R P
V H A R H H L D A G A P R A R R G P
S M H D T I W T L E P H E P D A A P
D A D L V D H V L G R H H G P Q R A
T R M S Y T M S L D G T I A R S A P
P G C R T R * P C T G P S P G A P P
GCC AGG CGT AGC TCA TGC AGT ACC TGT TCA GGG GCC ACT ACC GGG CCG ACC GCC
31491 31500 31509 31518 31527 31536
CGG TCC GCA TCG AGT ACG TCA TGG ACA AGT CCC CGG TGA TGG CCC GGC TGG CGG
R S A S S T S W T S P R * W P G W R
G P H R V R H G Q V P G D G P A G G
V R I E Y V M D K S P V M A R L A G

M R Q Q Q A G H L G Q D P R V E D G
W G S S S R A M S V R T P G F K M G
G D A A A A R W P S G P R A S S * G

CGG TAG GCG ACG ACG ACG CGC GGT ACC TCT GGG ACC AGC CCG GCT TGA AGT AGG
31545 31554 31563 31572 31581 31590
GCC ATC CGC TGC TGC TGC GCG CCA TGG AGA CCC TGG TCG GGC CGA ACT TCA TCC

A I R C C C A P W R P W S G R T S S
P S A A A A R H G D P G R A E L H P
H P L L L R A M E T L V G P N F I P

G P V A H H E L G G R A R G P Q G P
V Q S L M T N L V V A P A G R S A Q
W R P C C P T * S W R P R A G A P R

GGT GGA CCC TGT CGT ACC ACA AGT TCT GGT GGC GCC CGC GCG GGG CCG ACC GGA
31599 31608 31617 31626 31635 31644
CCA CCT GGG ACA GCA TGG TGT TCA AGA CCA CCG CGG GCG CGC CCC GGC TGG CCT

P P G T A W C S R P P R A R P G W P
H L G Q H G V Q D H R G R A P A G L
T W D S M V F K T T A G A P R L A W

V T V A L H V G I G D G D G A A T A
C R S P W I Y E S A T A T V P P P R
A G H R G S T S R H R R R * R R R D

CCG TGG CAC TGC CGG TCT ACA TGA GGC TAC GGC AGC GGC AGT GGC CGC CGC CAG
31653 31662 31671 31680 31689 31698
GGC ACC GTG ACG GCC AGA TGT ACT CCG ATG CCG TCG CCG TCA CCG GCG GCG GTC

G T V T A R C T P M P S P S P A A V
A P * R P D V L R C R R R H R R S
H R D G Q M Y S D A V A V T G G G R

D D V H A D V E V V R G L V V T D P
T M S T P M * R S W A G S S L Q T Q
R * R R P C R G R G R A R P C S H R

CGC AGT AGC TGC ACC CGT AGA TGG AGC TGG TGC GCG GGC TCC TGT TGA CAC AGA
31707 31716 31725 31734 31743 31752
GCG TCA TCG ACG TGG GCA TCT ACC TCG ACC ACG CGC CCG AGG ACA ACT GTG TCT

A S S T W A S T S T T R P R T T V S
R H R R G H L P R P R A R G Q L C L
V I D V G I Y L D H A P E D N C V W

G D R L G V V P L V L L D G L G G V
A M G C D L * Q S S S C T V S V A S
P W G A T W S S P P R A P * R S R R

CCC GGT AGG GCG TCA GGT TGA TGA CCC TCC TGC TCG TCC AGT GGC TCT GGC GGC
31761 31770 31779 31788 31797 31806
GGG CCA TCC CGC AGT CCA ACT ACT GGG AGG ACG AGC AGG TCA CCG AGA CCG CCG

G P S R S P T T G R T S R S P R P P
 G H P A V Q L L G G R A G H R D R R
 A I P Q S N Y W E D E Q V T E T A D
 P E V G G L P V R G P G D G G H H P
 R S L A V S H S A V P A T G A T I R
 G A * R W R T P R S R P R G R R S A

 TGG CCG AGT TGC GGT GGC TCA CCC TGC GCT GGC CCC GGC AGG GGC GGC ACT ACG
 31815 31824 31833 31842 31851 31860
 ACC GGC TCA ACG CCA CCG AGT GGG ACG CGA CCG GGG CCG TCC CCG CCG TGA TGC

 T G S T P P S G T R P G P S P P * C
 P A Q R H R V G R D R G R P R R D A
 R L N A T E W D A T G A V P A V M R
 R A V G Q Q V V D Q C Q V A G R R H
 G P S A R S C L M R V S C P A G A T
 A P R R G A A C C G S V A R R G P P

 CCG GCC CGC TGC GGG ACG ACG TGT TGT AGG ACT GTG ACG TGC CGC GGG GCC GCC
 31869 31878 31887 31896 31905 31914
 GGC CGG GCG ACG CCC TGC TGC ACA ACA TCC TGA CAC TGC ACG GCG CCC CGG CGG

 G R A T P C C T T S * H C T A P R R
 A G R R P A A Q H P D T A R R P G G
 P G D A L L H N I L T L H G A P A V
 H A L L A P D D V V L V P G A L H L
 T P L C R L T T * * S Y R G P S T S
 P P C A A C P R R S R T G A R R P P

 ACC ACC CGT TCG TCG CGT CCC AGC AGA TGA TGC TCA TGG CCG GGC CGC TCC ACC
 31923 31932 31941 31950 31959 31968
 TGG TGG GCA AGC AGC GCA GGG TCG TCT ACT ACG AGT ACC GGC CCG GCG AGG TGG

 W W A S S A G S S T T S T G P A R W
 G G Q A A Q G R L L R V P A R R G G
 V G K Q R R V V Y Y E Y R P G E V E
 T L E A R V H G L V H P E L L L H Q
 R * S P G C T G S Y T P S L C C T S
 A D A R G A R A R T R P A * A A P A

 TCG CAG TCG AGC CGG GCG TGC ACG GGC TCA TGC ACC CCG AGT TCG TCG TCC ACG
 31977 31986 31995 32004 32013 32022
 AGC GTC AGC TCG GCC CGC ACG TGC CCG AGT ACG TGG GGC TCA AGC AGC AGG TGC

 S V S S A R T C P S T W G S S S R C
 A S A R P A R A R V R G A Q A A G A
 R Q L G P H V P E Y V G L K Q Q V L
 A R A Q L L P G R G P L V P V L L G
 R A H R S C R A A D P S C R S S S G
 A R T G P A A P R T R P A G P R P A

 ACG CGC GCA CGG ACC TCG TCG CCC GGC GCA GGC CCC TCG TGG CCC TGC TCC TCG

32031 32040 32049 32058 32067 32076
 TGC GCG CGT GCC TGG AGC AGC GGG CCG CGT CCG GGG AGC ACC GGG ACG AGG AGC

 C A R A W S S G P R P G S T G T R S
 A R V P G A A G R V R G A P G R G A
 R A C L E Q R A A S G E H R D E E P

 E L V A R H L L V P E P V L R G R D
 K S Y R G T S C Y R S Q S S D G A I
 R R T G G P P A T G A R P R T A R S

 GGA AGC TCA TGG CGG GCC ACC TCG TCA TGG CCG AGA CCC TGC TCA GCG GGC GCT
 32085 32094 32103 32112 32121 32130
 CCT TCG AGT ACC GCC CGG TGG AGC AGT ACC GGC TCT GGG ACG AGT CGC CCG CGA

 P S S T A R W S S T G S G T S R P R
 L R V P P G G A V P A L G R V A R D
 F E Y R P V E Q Y R L W D E S P A I

 G A Q P E R V L L V P P P S G A S G
 E P R R N G C S S Y Q R H H V Q Q A
 R R G A T G A R P T S A T T F R S L

 GGA GGC CGG ACG CCA AGG GCG TGC TCC TCA TGA CCG CCA CCA CTT GGA CGA CTC
 32139 32148 32157 32166 32175 32184
 TCT CCG GCC TGC GGT TCC CGC ACG AGG AGT ACT GGC GGT GGT GAA CCT GCT GAG

 S P A C G S R T R S T G G G E P A E
 L R P A V P A R G V L A V V N L L S
 S G L R F P H E E Y W R W * T C * A **G3**

 G A A A P R A R G P A P A G P R R A
 A Q R Q Q A R E G R R R R A R A A L
 R R G S S P A S A G A G A R G P P S

 GGC GGA CGG CGA CGA CCC GCG CGA GCG GGG CCG CGG CCG CGC GGG CCC GCC GCT
 32193 32202 32211 32220 32229 32238
 CCG CCT GCC GCT GCT GGG CGC GCT CGC CCC GGC GCC GGC GCG CCC GGG CGG CGA

 P P A A A G R A R P G A G A P G R R
 R L P L L G A L A P A P A R P G G E
 A C R C W A R S P R R R R A R A A S

 W R G P P * R R A S G P A S R D A G
 G G G L L D D G L A E P L P G I R A
 G V A W S T M A S R K R S R V S G R

 CGG GTG GCG GGT CCT CCA GTA GCG GCT CGC GAA GGC CCT CGC CTG GCT AGG CGC
 32247 32256 32265 32274 32283 32292
 GCC CAC CGC CCA GGA GGT CAT CGC CGA GCG CTT CCG GGA GCG GAC CGA TCC GCG

 A H R P G G H R R A L P G A D R S A
 P T A Q E V I A E R F R E R T D P R
 P P P R R S S P S A S G S G P I R A

 R R S P R R G D A R G G C R A P R A
 G A V P G V G M Q E V E A V R Q G L

G P S Q A * A W R S S R R L A S A S

 GGG GCC GCT GAC CCG GAT GCG GGT AGA CGA GCT GGA GGC GTT GCG CGA CCG GCT
 32301 32310 32319 32328 32337 32346
 CCC CGG CGA CTG GGC CTA CGC CCA TCT GCT CGA CCT CCG CAA CGC GCT GGC CGA

 P R R L G L R P S A R P P Q R A G R
 P G D W A Y A H L L D L R N A L A E
 P A T G P T P I C S T S A T R W P S

 A R R P T P A S A R S R L P C R A T
 L E G P R R P A P E V E S R A G R R
 C S A P A D P R Q S S K P A P V E G

 CGT CGA GCG GCC CCG CAG CCC CGC GAC CGA GCT GAA GCC TCG CCC GTG GAG CGG
 32355 32364 32373 32382 32391 32400
 GCA GCT CGC CGG GGC GTC GGG GCG CTG GCT CGA CTT CGG AGC GGG CAC CTC GCC

 A A R R G V G A L A R L R S G H L A
 Q L A G A S G R W L D F G A G T S P
 S S P G R R G A G S T S E R A P R R

 G R G A G R R G A P S P R S A R R R
 V A V Q E G A G P Q L R G L H A A A
 Y R S R S G P A R S S V A S I R P P

 CAT GGC GCT GGA CGA GGG GCC GCG GGC CGA CCT CTG CCG GCT CTA CGC GCC GCC
 32409 32418 32427 32436 32445 32454
 GTA CCG CGA CCT GCT CCC CGG CGC CCG GCT GGA GAC GGC CGA GAT GCG CGG CGG

 V P R P A P R R P A G D G R D A R R
 Y R D L L P G A R L E T A E M R G G
 T A T C S P A P G W R R P R C A A A

 P G S P P D R A P R P R A T R G A P
 L V Q R R I V L Q V L G P Q A A Q R
 S S R V A S * S S S S A P S H P R G

 GCT CCT GGA CTG CCG CCT AGT GCT CGA CCT GCT CCG GCC CGA CAC GCC GGA CGG
 32463 32472 32481 32490 32499 32508
 GA GGA CCT GAC GGC GGA TCA CGA GCT GGA CGA GGC CGG GCT GTG CGG CCT GCC

 R G P D G G S R A G R G R A V R P A
 E D L T A D H E L D E A G L C G L P
 R T * R R I T S W T R P G C A A C R

 R S T R R H A R W G P G P V R S P G
 V A R E V T H E G G L D Q F V H R V
 S P E N S P T S E V W T R S C T V S

 CCT GCC GAG CAA GCT GCC ACA CGA GAG GTG GGT CCA GGA CCT TGT GCA CTG CCT
 32517 32526 32535 32544 32553 32562
 GGA CGG CTC GTT CGA CGG TGT GCT CTC CAC CCA GGT CCT GGA ACA CGT GAC GGA

 G R L V R R C A L H P G P G T R D G
 D G S F D G V L S T Q V L E H V T D
 T A R S T V C S P P R S W N T * R T

P G A D A R P A G A A A A P R C A P
 R V Q M Q A L R E P Q Q P R A A P Q
 G S R C R R S A S R S S R G P P L S

 GGG CCT GGA CGT AGA CGC GCT CCG CGA GGC CGA CGA CGC CGG CCC GCC GTC CGA
 32571 32580 32589 32598 32607 32616
 CCC GGA CCT GCA TCT GCG CGA GGC GCT CCG GCT GCT GCG GCC GGG CGG CAG GCT

 P G P A S A R G A P A A A A G R Q A
 P D L H L R E A L R L L R P G G R L
 R T C I C A R R S G C C G R A A G W

 A T W A H R R P P A R R A P G T A S
 H Q G R M A D P L L V A P L V Q P A
 T S D V C P T Q S S C P P C S R H R

 CCA CGA CAG GTG CGT ACC GCA GAC CCT CCT CGT GCC GCC CGT CCT GGA CAC CGC
 32625 32634 32643 32652 32661 32670
 GGT GCT GTC CAC GCA TGG CGT CTG GGA GGA GCA CGG CGG GCA GGA CCT GTG GCG

 G A V H A W R L G G A R R A G P V A
 V L S T H G V W E E H G Q D L W R
 C C P R M A S G R S T A G R T C G A

 S R R R V R P G P R A P R T * R P G
 P G G V S E R G L G L P G P E G H V
 Q V A S P S A A W A S R A P N V T S

 GAC CTG GCG GCT GCC TGA GCG CCG GGT CCG GCT CGC CCG GCC CAA GTG GCA CCT
 32679 32688 32697 32706 32715 32724
 CTG GAC CGC CGA CGG ACT CGC GGC CCA GGC CGA GCG GGC CGG GTT CAC CGT GGA

 L D R R R T R G P G R A G R V H R G
 W T A D G L A A Q A E R A G F T V D
 G P P T D S R P R P S G P G S P W T

 F P * A * R R V A R D A A G A A S G
 S R D L E G A S R A T Q Q E Q Q A V
 R V T L S V Q P G R P R S S R S R *

 GGC TTG CCA GTT CGA GTG GAC GCC TGG CGC GCC AGA CGA CGA GGA CGA CGC GAT
 32733 32742 32751 32760 32769 32778
 CCG AAC GGT CAA GCT CAC CTG CGG ACC GCG CGG TCT GCT GCT CCT GCT GCG CTA

 P N G Q A H L R T A R S A A P A A L
 R T V K L T C G P R G L L L L L R Y
 E R S S S P A D R A V C C S C C A T

 R G P A R S A P P R D P R A A A A S
 V A P L V A P R R A T R D P Q Q Q P
 W P R S C P Q G A P P G T P S S S R

 GGT GCC GGC CCT CGT GCC GAC CGG CCG CCC GCC AGG CCA GCC CGA CGA CGA CGC
 32787 32796 32805 32814 32823 32832
 CCA CGG CCG GGA GCA CGG CTG GCC GGC GGG CGG TCC GGT CGG GCT GCT GCT GCG

P R P G A R L A G G R S G R A A A
 H G R E H G W P A G G P V G L L L R
 T A G S T A G R R A V R S G C C C G
 G P G P R G A A G A G R R R S G R G
 G Q G Q G V P Q A R A E D V V V E V
 V R A R A S R S R G R R T S S * R S

 CTG GGA CCG GGA CCG GCT GGC CGA CGC GGG CGC GGA GCA GCT GCT GAT GGA GCT
 32841 32850 32859 32868 32877 32886
 GAC CCT GGC CCT GGC CGA CCG GCT GCG CCC GCG CCT CGT CGA CGA CTA CCT CGA

 D P G P G R P A A P A P R R R L P R
 T L A L A D R L R P R L V D D Y L D
 P W P W P T G C A R A S S T T T S T

 P R R R G L G R R P G P R A T R G P
 P D E G A L A A D L A R G L R E V Q
 R T K A P W P R T S P G A S G N * R

 GGC CCA GAA GCG GCC GGT TCC GGC GCA GCT CCC GGG CCG GCT CGG CAA GAT GGA
 32895 32904 32913 32922 32931 32940
 CCG GGT CTT CGC CGG CCA AGG CCG CGT CGA GGG CCC GGC CGA GCC GTT CTA CCT

 P G L R R P R P R R G P G R A V L P
 R V F A G Q G R V E G P A E P F Y L
 G S S P A K A A S R A R P S R S T W

 C G A S R W C A A R A P S A P S P R
 V D Q Q G G A L R A L R L L R L P V
 S M R S V A L L G R S G S F G S L S

 CCT GTA GGA CGA CTG GCG GTC GTT CGG CGC GCT CGG CCT CTT CGG CCT CTC CCT
 32949 32958 32967 32976 32985 32994
 GGA CAT CCT GCT GAC CGC CAG CAA GCC GCG CGA GCC GGA GAA GCC GGA GAG GGA

 G H P A D R Q Q A A R A G E A G E G
 D I L L T A S K P R E P E K P E R D
 T S C * P P A S R A S R R S R R G T

 S I V W G G G L G V M H T S G H I W
 R Y S G A G A W D W W T H A A T S G
 A I H G L G R G T G G H T H Q R P D

 GCG CTA TAC TGG GTC GGG GGC GGG TCA GGG TGG TAC ACA CAC GAC GGC ACC TAG
 33003 33012 33021 33030 33039 33048
 CGC GAT ATG ACC CAG CCC CCG CCC AGT CCC ACC ATG TGT GTG CTG CCG TGG ATC

 R D M T Q P P P S P T M C V L P W I
 A I * P S P R P V P P C V C C R G S
 R Y D P A P A Q S H H V C A A V D P

 R H A E M S P T * P R Q Q T S S E I
 G T R R W R R H R R G S S H P R S S
 V Q A G G D V T D V A A A T H V V R

 GTG GAC ACG CGG AGG TAG CTG CCA CAG ATG CCG GCG ACG ACA CAC CTG CTG AGC

X12

33057 33066 33075 33084 33093 33102
 CAC CTG TGC GCC TCC ATC GAC GGT GTC TAC GGC CGC TGC TGT GTG GAC GAC TCG

 H L C A S I D G V Y G R C C V D D S
 T C A P P S T V S T A A A V W T T R
 P V R L H R R C L R P L L C G R L D

 Y W L S S Y S D S A S G T K L S L A
 T G C R A T R I R P P A P R * A * R
 H V V V L Q V F G L R L R D E L E V

 TAC ATG GTG TTG CTC GAC ATG CTT AGG CTC CGC CTC GGC CAG AAG TTC GAG TTG
 33111 33120 33129 33138 33147 33156
 ATG TAC CAC AAC GAG CTG TAC GAA TCC GAG GCG GAG CCG GTC TTC AAG CTC AAC

 M Y H N E L Y E S E A E P V F K L N
 C T T T S C T N P R R S R S S S T
 V P Q R A V R I R G G A G L Q A Q R

 S A T P Q A G L E R * A C S L G S S
 R R Q R S R A W S G S R V P C D R H
 G V S D A A R G V G A V C L V I G I

 CGG CTG CGA CAG CCG ACG CGC GGG TTG AGG GCG ATG CGT GTC CTG TTA GGG CTA
 33165 33174 33183 33192 33201 33210
 GCC GAC GCT GTC GGC TGC GCG CCC AAC TCC CGC TAC GCA CAG GAC AAT CCC GAT

 A D A V G C A P N S R Y A Q D N P D
 P T L S A A R P T P A T H R T I P M
 R R C R L R A Q L P L R T G Q S R *

 T L P S V S A N L L G L M R R V R S
 P * L A S R P T * C G W C A A S G A
 L D S P Q G L R E V A G V H P P G P

 CTC CAG TCT CCC GAC TGG CTC CGC AAG TTG TCG GGG TTG TAC GCC GCC TGG GCC
 33219 33228 33237 33246 33255 33264
 GAG GTC AGA GGG CTG ACC GAG GCG TTC AAC AGC CCC AAC ATG CGG CGG ACC CGG

 E V R G L T E A F N S P N M R R T R
 R S E G * P R R S T A P T C G G P G
 G Q R A D R G V Q Q P Q H A A D P A

 A I S A P S R T D A H S * Q * * R S
 P S A P R R A R T R T R S S S D G R
 Q R H Q G A L A H G R A V V A I V A

 GAC CGC TAC GAC CGG CCG CTC GCG CAC AGG CGC ACG CTG ATG ACG ATA GTG GCG
 33273 33282 33291 33300 33309 33318
 CTG GCG ATG CTG GCC GGC GAG CGC GTG TCC GCG TGC GAC TAC TGC TAT CAC CGC

 L A M L A G E R V S A C D Y C Y H R
 W R C W P A S A C P R A T T A I T A
 G D A G R R A R V R V R L L L S P R

 S R P A V D * R C L M L S R N A S V
 P G P R S T R G A S C * R A T R R C

L V P A R R G V P L A D V L P E G V

 CTC CTG GCC CCG CGC TGC AGG ATG GCC GTC TCG TAG TTG CTC GCC AAG CGG CTG
 33327 33336 33345 33354 33363 33372
 GAG GAC CGG GGC GCG ACG TCC TAC CGG CAG AGC ATC AAC GAG CGG TTC GCC GAC

 E D R G A T S Y R Q S I N E R F A D
 R T G A R R P T G R A S T S G S P T
 G P G R D V L P A E H Q R A V R R H

 T S K A S R A S R V A G S P E N S S
 P P S R R D P R V Y R G R R S T R P
 R H V E G I Q G F T G G G V A R E L

 TGC CAC CTG AAG CGG CTA GAC CGG CTT GCA TGG CGG GGG CTG CCG AGC AAG CTC
 33381 33390 33399 33408 33417 33426
 ACG GTG GAC TTC GCC GAT CTG GCC GAA CGT ACC GCC CCC GAC GGC TCG TTC GAG

 T V D F A D L A E R T A P D G S F E
 R W T S P I W P N V P P P T A R S R
 G G L R R S G R T Y R P R R L V R G

 N G K K R S M R N P L V Q L R R H T
 T G R R G R C G T R C C R C G A T R
 L E G E E E V D P E A V G A V Q P A

 CTC AAG GGG AAG AAG GAG CTG TAG GCC AAG CCG TTG TGG ACG TTG GAC GCC ACG
 33435 33444 33453 33462 33471 33480
 GAG TTC CCC TTC TTC CTC GAC ATC CGG TTC GGC AAC ACC TGC AAC CTG CGG TGC

 E F P F F L D I R F G N T C N L R C
 S S P S S S T S G S A T P A T C G A
 V P L L P R H P V R Q H L Q P A V R

 I H A * G T L E P Q P A L F R G F H
 S T R R G P * S R S P H W S A G S I
 H H A G V R D A G A P T G L L A R F

 CAC TAC ACG CGG ATG GGC CAG TCG AGG CCG ACC CCA CGG TTC TTC GCG GGC TTT
 33489 33498 33507 33516 33525 33534
 CTG ATG TGC GCC TAC CCG GTC AGC TCC GGC TGG GGT GCC AAG AAG CGC CCG AAA

 V M C A Y P V S S G W G A K K R P K
 * C A P T R S A P A G V P R S A R N
 D V R L P G Q L R L G C Q E A P E M

 D D A T I S G Y R S S S S S H A V S
 T T R P S R G T G P P R P A T P S A
 P R G R H D V R V P L V L L Q P R R

 ACC AGC AGG CGC CAC TAG CTG GGC ATG GCC CTC CTG CTC CTC GAC ACC CGC TGC
 33543 33552 33561 33570 33579 33588
 TGG TCG TCC GCG GTG ATC GAC CCG TAC CGG GAG GAC GAG GAG CTG TGG GCG ACG

 W S S A V I D P Y R E D E E L W A T
 G R P R * S T R T G R T R S C G R R
 V V R G D R P V P G G R G A V G D A

R S F A W R M R R S Y K A P P S G K
A R S R G G * G A A T S R P R R A R
Q A L V G V E D P P Q V E R A A L G

GAC GCG CTC TTG CGG GTG GAG TAG GCC GCC GAC ATG AAG CGC CCG CCG CTC GGG
33597 33606 33615 33624 33633 33642
CTG CGC GAG AAC GCC CAC CTC ATC CGG CGG CTG TAC TTC GCG GGC GGC GAG CCC

L R E N A H L I R R L Y F A G G E P
C A R T P T S S G G C T S R A A S P
A R E R P P H P A A V L R G R R A L

M C G P W K A I S S R S I S V P L A
* A A R G S R S A P G A S R S R C R
E H L G A V E R H Q V Q Q D L G A V

AAG TAC GTC GGG CCG GTG AAG CGC TAC GAC CTG GAC GAC TAG CTC TGG CCG TTG
33651 33660 33669 33678 33687 33696
TTC ATG CAG CCC GGC CAC TTC GCG ATG CTG GAC CTG CTG ATC GAG ACC GGC AAC

F M Q P G H F A M L D L L I E T G N
S C S P A T S R C W T C * S R P A T
H A A R P L R D A G P A D R D R Q R

S F T S M T * L E L R V T S G S F T
P F R R C R R C S W G * P A A P S P
R F V D V D D V V G V E R H Q R L L

CGC CTT TTG CAG CTG TAG CAG ATG TTG AGG TTG GAG TGC CAC GAC GGC CTC TTC
33705 33714 33723 33732 33741 33750
GCG GAA AAC GTC GAC ATC GTC TAC AAC TCC AAC CTC ACG GTG CTG CCG GAG AAG

A E N V D I V Y N S N L T V L P E K
R K T S T S S T T P T S R C C R R R
G K R R H R L Q L Q P H G A A G E G

K S R K G C K L L T P I P A D Q S P
R R G S G A S * S R R S R R T R R R
D E V A E R V E L A D P D A R G A V

CAG AAG CTG GCG AAG GGC GTG AAG TTC TCG CAG CCC TAG CCG CGC AGG ACG CTG
33759 33768 33777 33786 33795 33804
GTC TTC GAC CGC TTC CCG CAC TTC AAG AGC GTC GGG ATC GGC GCG TCC TGC GAC

V F D R F P H F K S V G I G A S C D
S S T A S R T S R A S G S A R P A T
L R P L P A L Q E R R D R R V L R R

T P S T K S R M R W G A F H S T K T
R R R P R R A C G G A R S T P R R R
A D A L D E L A D A L G R L P V D E

CCG CAG CCG CTC CAG AAG CTC GCG TAG GCG GTC GGG CGC TTC ACC CTG CAG AAG
33813 33822 33831 33840 33849 33858
GGC GTC GGC GAG GTC TTC GAG CGC ATC CGC CAG CCC GCG AAG TGG GAC GTC TTC

G V G E V F E R I R Q P A K W D V F
 A S A R S S S A S A S P R S G T S S
 R R R G L R A H P P A R E V G R L R
 A F T R R A L V S T F R H S W T A G
 R S R V G H W S R P S G T A G P R G
 D R V Y A T G L G L H V Q P E L D G

 CAG CGC TTG CAT GCG GCA CGG TTC TGG CTC CAC TTG GAC ACC GAG GTC CAG CGG
 33867 33876 33885 33894 33903 33912
 GTC GCG AAC GTA CGC CGT GCC AAG ACC GAG GTG AAC CTG TGG CTC CAG GTC GCC

 V A N V R R A K T E V N L W L Q V A
 S R T Y A V P R P R * T C G S R S P
 R E R T P C Q D R G E P V A P G R P
 C R S F R H P S R S R S S K A R S S
 A A A S G T P V A P G A A R R G R P
 R L P Q V Q P S Q P V Q Q E E G A L

 GGC GTC GCC GAC TTG GAC ACC CCT GAC GCC CTG GAC GAC GAG AAG CGG GCG CTC
 33921 33930 33939 33948 33957 33966
 CCG CAG CGG CTG AAC CTG TGG GGA CTG CGG GAC CTG CTG CTC TTC GCC CGC GAG

 P Q R L N L W G L R D L L L F A R E
 R S G * T C G D C G T C C S S P A R
 A A A E P V G T A G P A A L R P R G
 P R S A S R A L T T C H G S S R D T
 P G R R P G P W H R A T A R R G T P
 L A E V R V Q G I D H L P G V V Q R

 CTC CCG GAG CTG CGC CTG GAC CGG TTA CAG CAC GTC ACC GGG CTG CTG GAC AGC
 33975 33984 33993 34002 34011 34020
 GAG GGC CTC GAC GCG GAC CTG GCC AAT GTC GTG CAG TGG CCC GAC GAC CTG TCG

 E G L D A D L A N V V Q W P D D L S
 R A S T R T W P M S C S G P T T C R
 G P R R G P G Q C R A V A R R P V G
 A L R G S S S F R R A V T S S A S S
 R W D G P R P S A V P S R R A P R V
 D G I E R V L L L S P R G D L Q G F

 CAG CGG TTA GAG GGC CTG CTC CTC TTC GCT GCC CGC TGG CAG CTC GAC CGG CTT
 34029 34038 34047 34056 34065 34074
 GTC GCC AAT CTC CCG GAC GAG GAG AAG CGA CGG GCG ACC GTC GAG CTG GCC GAA

 V A N L P D E E K R R A T V E L A E
 S P I S R T R R S D G R P S S W P N
 R Q S P G R G E A T G D R R A G R T
 A S H H S P R S Q L L G A A W R R A
 R R T T R R G P S S C A R R G D A P
 E G L P A V A Q V P A L G G G M Q P

 GAG CGG CTC ACC ACG CTG CCG GAC CTG ACC TCG TTC GGG CGG CGG GTA GAC GCC

34083 34092 34101 34110 34119 34128
 CTC GCC GAG TGG TGC GAC GGC CTG GAC TGG AGC AAG CCC GCC GCC CAT CTG CGG

 L A E W C D G L D W S K P A A H L R
 S P S G A T A W T G A S P P P I C G
 R R V V R R P G L E Q A R R P S A G

 S L A N M F A A S G D S S I A S P P
 A S R T * S R R Q G T R V S R R L L
 R Q A R E H V G S V R G F Q D G F S

 CGC GAC TCG CGC AAG TAC TTG CGG CGA CTG GGC AGG CTT GAC TAG CGG CTT CCT
 34137 34146 34155 34164 34173 34182
 GCG CTG AGC GCG TTC ATG AAC GCC GCT GAC CCG TCC GAA CTG ATC GCC GAA GGA

 A L S A F M N A A D P S E L I A E G
 R * A R S * T P L T R P N * S P K E
 A E R V H E R R * P V R T D R R R R

 T H A P R R F S G Q N G L P Q A L G
 L I L P D A F A A R T A S P S R L V
 S Y S R T P S L Q G P Q R P A A C S

 CCT CAT ACT CGC CCA GCC GCT TTC GAC GGG ACC AAC GGC TCC CCG ACG CGT TCT
 34191 34200 34209 34218 34227 34236
 GGA GTA TGA GCG GGT CGG CGA AAG CTG CCC TGG TTG CCG AGG GGC TGC GCA AGA

 G V * A G R R K L P W L P R G C A R
 E Y E R V G E S C P G C R G A A Q D
 S (M) S G S A K A A L V A E G L R K T

 V S G L R R Q V P E V E D H G L A G
 * P D S V A S S P N S R T T G S P V
 R R I R S P A P R T R G R R A R P C

 GGA TGC CTA GGC TCT GCC GCG ACC TGC CCA AGC TGG AGC AGC ACG GGC TCC CGT
 34245 34254 34263 34272 34281 34290
 CCT ACG GAT CCG AGA CGG CGC TGG ACG GGT TCG ACC TCG TCG TGC CCG AGG GCA

 P T D P R R R W T G S T S S C P R A
 L R I R D G A G R V R P R R A R G H
 Y G S E T A L D G F D L V V P E G T

 H A G Q E T G V A R A L G G G Y A D
 T H A R S P G L P A P L V V A T R M
 R T R G A R D W R R P C S W R R V C

 GGC ACA CGC GGG ACG AGC CAG GGT TGC CGC GCC CGT TCT GGT GGC GGC ATG CGT
 34299 34308 34317 34326 34335 34344
 CCG TGT GCG CCC TGC TCG GTC CCA ACG GCG CGG GCA AGA CCA CCG CCG TAC GCA

 P C A P C S V P T A R A R P P P Y A
 R V R P A R S Q R R G Q D H R R T H
 V C A L L G P N G A G K T T A V R I

 Q A G Q E L R V A A T G Q H G A E I
 R L V R S L G S P P R A R T A P R S

HBCT

G S C G A * A P R R G H G P P R G R
 AGG ACT CGT GGG ACG AGT TCG GCC TGC CGC CGG CAC GGG ACC ACC GGC CGG AGC
 34353 34362 34371 34380 34389 34398
 TCC TGA GCA CCC TGC TCA AGC CGG ACG GCG GCC GTG CCC TGG TGG CCG GCC TCG
 S * A P C S S R T A A V P W W P A S
 P E H P A Q A G R R P C P G G R P R
 L S T L L K P D G G R A L V A G L D
 H G A L G G L H A P V D A D G A L V
 T V R S A A S T R R F M P T V P W Y
 H S G R P R R P A G S C R R * R G T
 TAC ACT GGG CGC TCC GGC GGC TCC ACG CGG CCT TGT AGC CGC AGT GGC CGG TCA
 34407 34416 34425 34434 34443 34452
 ATG TGA CCC GCG AGG CCG CCG AGG TGC GCC GGA ACA TCG GCG TCA CCG GCC AGT
 M * P A R P P R C A G T S A S P A S
 C D P R G R R G A P E H R R H R P V
 V T R E A A E V R R N I G V T G Q Y
 R R D L L D Q G A A L V Q L H P A A
 G A T S S I R V P R S F R S I H P R
 G P P R P S G S R G R S G P S T P G
 TGG GCC GCC AGC TCC TCT AGG ACT GGC CGG CGC TCT TGG ACC TCT ACA CCC CGG
 34461 34470 34479 34488 34497 34506
 ACC CGG CGG TCG AGG AGA TCC TGA CCG GCC GCG AGA ACC TGG AGA TGT GGG GCC
 T R R S R R S * P A A R T W R C G A
 P G G R G D P D R P R E P G D V G P
 P A V E E I L T G R E N L E M W G R
 E V V H A A P L R L A T R F F Q Q L
 R * W T P R L S A C R R V S S S S
 G R G R P G C P P A A G Y P L V A P
 CGG AGA TGG TGC ACC CGG CGT CCC TCC GCG TCG CGG CAT GCC TTC TTG ACG ACC
 34515 34524 34533 34542 34551 34560
 CCG TCT ACC ACG TGG GCC GCA GGG AGG CGC AGC GCC GTA CGG AAG AAC TGC TGG
 A S T T W A A G R R S A V R K N C W
 P L P R G P Q G G A A P Y G R T A G
 L Y H V G R R E A Q R R T E E L L E
 L E V Q G L G G V L P E L V V R A T
 C N S R V S A A S L R S L C * E P P
 A T R G S R P R R C A A * A S S P R
 TCG TCA AGC TGG ACT GGC TCC GGC GGC TGT TCG CCG AGT TCG TGA TGA GCC CGC
 34569 34578 34587 34596 34605 34614
 AGC AGT TCG ACC TGA CCG AGG CCG CCG ACA AGC GGC TCA AGC ACT ACT CGG GCG
 S S S T * P R P P T S G S S T T R A
 A V R P D R G R R Q A A Q A L L G R
 Q F D L T E A A D K R L K H Y S G G

H P A P E V Q G G S E E G H G L H E
 I R R L S S R A A P N K V T G L T S
 Y A A C A R G P R R I R * R A W P A

 CAT ACG CCG CGT CCG AGC TGG ACC GGC GGC CTA AGA AGT GGC ACG GGT TCC ACG
 34623 34632 34641 34650 34659 34668
 GTA TGC GGC GCA GGC TCG ACC TGG CCG CCG GAT TCT TCA CCG TGC CCA AGG TGC

 V C G A G S T W P P D S S P C P R C
 Y A A Q A R P G R R I L H R A Q G A
 M R R R L D L A A G F F T V P K V L

 E Q V L G G G A E V R A V A V L D P
 K R S S G V V P R S G R L R L S T Q
 R G P R A W W R G R G A C G C R P R

 AGA AGG ACC TGC TCG GGT GGT GGC CGG AGC TGG GCG CGT TGG CGT TGC TCC AGA
 34677 34686 34695 34704 34713 34722
 TCT TCC TGG ACG AGC CCA CCA CCG GCC TCG ACC CGC GCA ACC GCA ACG AGG TCT

 S S W T S P P P A S T R A T A T R S
 L P G R A H H R P R P A Q P Q R G L
 F L D E P T T G L D P R N R N E V W

 L H D T R H D L L A G G H Q E G R L
 F I T R E I T S C P V V T S S V V C
 S S P G N S P R A P C W R A A * W A

 CCT TCT ACC AGG CAA GCT ACC AGC TCG TCC CGT GGT GGC ACG ACG AGT GGT GCG
 34731 34740 34749 34758 34767 34776
 GGA AGA TGG TCC GTT CGA TGG TCG AGC AGG GCA CCA CCG TGC TGC TCA CCA CGC

 G R W S V R W S S R A P P C C S P R
 E D G P F D G R A G H H R A A H H A
 K M V R S M V E Q G T T V L L T T Q

 V Q L L G V P E G V L D R H D V R A
 Y R S S A S R S A S W I E T I S A P
 T G P P P R G A R R G S R P S R R P

 TCA TGG ACC TCC TCC GGC TGG CCG AGC GGC TGG TCT AGA GCC ACT AGC TGC GCC
 34785 34794 34803 34812 34821 34830
 AGT ACC TGG AGG AGG CCG ACC GGC TCG CCG ACC AGA TCT CGG TGA TCG ACG CGG

 S T W R R P T G S P T R S R * S T R
 V P G G G R P A R R P D L G D R R G
 Y L E E A D R L A D Q I S V I D A G

 A P D D L A G G L G Q L G Q H A A V
 R P T T S P V G S V R F D R T P P S
 G R P R R P C G R S G S T G P P R R

 CGG CGC CCC AGC AGC TCC CGT GGG GGC TCT GGG ACT TCA GGG ACC ACC CGC CGC
 34839 34848 34857 34866 34875 34884
 GCC GCG GGG TCG TCG AGG GCA CCC CCG AGA CCC TGA AGT CCC TGG TGG GCG GCG

A A G S S R A P P R P E V P G G R R
P R G R R G H P R D P E V P G G R R
R G V V E G T P E T L K S L V G G D

P D H H G Q R G G L V Q R G G R S L
R I T T V R A A V S S R D A A A A *
G S R P S G P P W R P G T P R R P E

TGG CCT AGC ACC ACT GGG ACC GCC GGT GGC TCC TGG ACA GCC GGC GGC GCC GAG
34893 34902 34911 34920 34929 34938
ACC GGA TCG TGG TGA CCC TGG CGG CCA CCG AGG ACC TGT CGG CCG CCG CGG CTC

T G S W * P W R P P R T C R P P R L
P D R G D P G G H R G P V G R R G S
R I V V T L A A T E D L S A A A A Q

D G A E R P G L G L H V G L G A T D
T A R K V P V S G S T S A S A R R I
P R G S * P S R A R P P R R P G G Y

TCC AGC GGC CGA AGT GCC CCT GGC TCG GGC TCC ACC TGC GGC TCC GGC CGG CAT
34947 34956 34965 34974 34983 34992
AGG TCG CCC GCT TCA CGG GGA CCG AGC CCG AGG TGG ACG CCG AGG CCC GCC GTA

R S P A S R G P S P R W T P R P A V
G R P L H G D R A R G G R R G P P Y
V A R F T G T E P E V D A E A R R I

V R R Y A V P D A V E H L D H L Q Q
S A G T R S R T P S R T S I T C S S
R R A P V R G P R R G R P S R A A A

AGC TGC GCG GCC ATG CGC TGG CCC AGC CGC TGG AGC ACC TCT AGC ACG TCG ACG
35001 35010 35019 35028 35037 35046
TCG ACG CGC CGG TAC GCG ACC GGG TCG GCG ACC TCG TGG AGA TCG TGC AGC TGC

S T R R Y A T G S A T S W R S C S C
R R A G T R P G R R P R G D R A A A
D A P V R D R V G D L V E I V Q L L

A P L A V A H D I H R Q A A R R Q I
R P C P W P T T S T D S R R G V S S
A R A P G R R P R H T A A G G S A P

ACG CGC CCG TCC CGG TGC CGC ACC AGC TAC ACA GCG ACG CGG CGG GCT GCG ACC
35055 35064 35073 35082 35091 35100
TGC GCG GGC AGG GCC ACG GCG TGG TCG ATG TGT CGC TGC GCC GCC CGA CGC TGG

C A G R A T A W S M C R C A A R R W
A R A G P R R G R C V A A P P D A G
R G Q G H G V V D V S L R R P T L D

V H E Q V R G V T G T S P L L R D S
S T N R C A V L R A P R L F S G T P
H R T G A R S W G H R D F S P A P R

TAC TGC ACA AGG ACG TGC GCT GGT TGG CAC GGC CAG CTT CCT TCC TCG GCC AGC

35109: 35118: 35127: 35136: 35145: 35154:
 ATG ACG TGT TCC TGC ACG CGA CCA ACC GTG CCG GTC GAA GGA AGG AGC CGG TCG

 M T C S C T R P T V P V E G R S R S
 * R V P A R D Q P C R S K E G A G R
 D V F L H A T N R A G R R K E P V G

 S P R A P F P G S P R * R R S P P R
 H H G H Q S P G A P G D G V A P H D
 I I A T S P L A R Q A T V S P Q T T

 CTA CTA CCG GCA CGA CCC TTC CCG GGC GAC CCG GCA GTG GCT GCC GAC CCA CCA
 35163 35172 35181 35190 35199 35208
 GAT GAT GGC CGT GCT GGG AAG GGC CCG CTG GGC CGT CAC CGA CGG CTG GGT GGT

 D D G R A G K G P L G R H R R L G G
 (M) M A V L G R A R W A V T D G W V V
 * W P C W E G P A G P S P T A G W S *ABC 2*

 G R W C S * S A A C D R A S R R S C
 A A G V H D V P P A I G P Q D E V A
 P R A L M I L Q R R L G P S I K * Q

 GCC GGC GCG GTT GTA CTA GTT GAC CGC CGC GTT AGG GCC CGA CTA GAA GAT GAC
 35217 35226 35235 35244 35253 35262
 CGG CCG CGC CAA CAT GAT CAA CTG GCG GCG CAA TCC CGG GCT GAT CTT CTA CTG

 R P R Q H D Q L A A Q S R A D L L L
 G R A N M I N W R R N P G L I F Y C
 A A P T * S T G G A I P G * S S T A

 S T G S * S P P R R T R T R C R W T
 H H E R D H R H D E P V H E A A G H
 M I N G I M V T T K P Y T N P L A M

 GTA CTA CAA GGG CTA GTA CTG CCA CCA GAA GCC CAT GCA CAA GCC GTC GCG GTA
 35271 35280 35289 35298 35307 35316
 CAT GAT GTT CCC GAT CAT GAC GGT GGT CTT CGG GTA CGT GTT CGG CAG CGC CAT

 H D V P D H D G G L R V R V R Q R H
 M M F P I M T V V F G Y V F G S A M
 * C S R S * R W S S G T C S A A P C

 R P P R R H S G R T G S A P A T R V
 G H R A A T V V A L E Q H R P Q E S
 D T A P P P S * R S N R I G P S N P

 CAG GCA CCG CCC GCC GCC ACT GAT GGC GCT CAA GGA CTA CGG CCC CGA CAA GCC
 35325 35334 35343 35352 35361 35370
 GTC CGT GGC GGG CGG CGG TGA CTA CCG CGA GTT CCT GAT GCC GGG GCT GTT CGG

 V R G G R R * L P R V P D A G A V R
 S V A G G G D Y R E F L M P G L F G
 P W R A A V T T A S S * C R G C S D

 P S S T R H R * W C A P R * W R P R
 L R H H E T D D G A H Q G D G A R D

C A I I N P T T V L M S A T V L A T
 TGT CCG CTA CTA CAA GCC ACA GCA GTG GTC GTA CGA CCG GCA GTG GTC GCG CCA
 35379 35388 35397 35406 35415 35424
 ACA GGC GAT GAT GTT CGG TGT CGT CAC CAG CAT GCT GGC CGT CAC CAG CGC GGT
 T G D D V R C R H Q H A G R H Q R G
 Q A M M F G V V T S M L A V T S A V
 R R * C S V S S P A C W P S P A R S
 G P R S R G T G S S A S P A T P R R
 G P A H G V P E A R H R H R L R A D
 E R P T V S R N R E I G I A C D P T
 GAG GGC CCC GCA CTG GCT GGC CAA GGC GAG CTA CGG CTA CCG CGT CAG CCC GCA
 35433 35442 35451 35460 35469 35478
 CTC CCG GGG CGT GAC CGA CCG GTT CCG CTC GAT GCC GAT GGC GCA GTC GGG CGT
 L P G R D R P V P L D A D G A V G R
 S R G V T D R F R S M P M A Q S G V
 P G A * P T G S A R C R W R S R A S
 A P G C S R R C T * S A S R A * S G
 R Q A A A E G V H E A R Q D L E R D
 A S P R L K A S M N L E S I S S V I
 CCG CGA CCC GGC GTC GAA GCG GCT GTA CAA GTC GAG CGA CTA GCT CGA GTG CTA
 35487 35496 35505 35514 35523 35532
 CGC GCT GGG CCG CAG CTT CGC CGA CAT GTT CAG CTC GCT GAT CGA GCT CAC GAT
 R A G P Q L R R H V Q L A D R A H D
 A L G R S F A D M F S S L I E L T I
 R W A A A S P T C S A R * S S S R S
 G R S R V A P R S A S A R P G R C P
 E E A A S Q Q D A P A P V L A G A L
 R R P Q P S S T P Q R Q C S P G P L
 GGA GGA GCC GAC GCC TGA CGA CCA GCC GAC CGC GAC CGT GCT CCC GGG GCC GTT
 35541 35550 35559 35568 35577 35586
 GCT CCT CGG CTG CGG ACT GCT GGT CGG CTG GCG CTG GCA CGA GGG CCC CGG CAA
 P P R L R T A G R L A L A R G P R Q
 L L G C G L L V G W R W H E G P G K
 S S A A D C W S A G A G T R A P A R
 A P P A R A A A A T A S S A * R P R
 R Q R R E P Q Q Q Q P A V R E D P D
 A S A A S P S S S S H R * E S M Q T
 CCG CGA CCG CCG CGA GCC CGA CGA CGA CAC CGC GAT GAG CGA GTA GAC CCA
 35595 35604 35613 35622 35631 35640
 GGC GCT GGC GGC GCT CGG GCT GCT GCT GCT GTG GCG CTA CTC GCT CAT CTG GGT
 G A G G A R A A A A V A L L A H L G
 A L A A L G L L L L W R Y S L I W V
 R W R R S G C C C C G A T R S S G S

S R G P A A A A G P P R R P P T H A
 P D V Q P Q Q Q G R L G G P R R I H
 P I * R P S S S G G S A A P A A Y T

 GCC CTA GAT GGA CCC CGA CGA CGA CGG GGG CCT CCG GCG GCC CCG CCG CAT ACA
 35649 35658 35667 35676 35685 35694
 CGG GAT CTA CCT GGG GCT GCT GCT GCC CCC GGA GGC CGC CGG GGC GGC GTA TGT

 R D L P G A A A A P G G R R G G V C
 G I Y L G L L L P P E A A G A A Y V
 G S T W G C C C P R R P P G R R M C

 A A A R S S A P S C R R R A P S S A
 R Q Q G Q R H Q R V G E D R R L L H
 G S S G K V I S A F V K T E G S F I

 CGG CGA CGA CGG GAA CTG CTA CGA CCG CTT GTG GAA GCA GAG CGG CCT CTT CTA
 35703 35712 35721 35730 35739 35748
 GCC GCT GCT GCC CTT GAC GAT GCT GGC GAA CAC CTT CGT CTC GCC GGA GAA GAT

 A A A A L D D A G E H L R L A G E D
 P L L P L T M L A N T F V S P E K M
 R C C P * R C W R T P S S R R R R C

 R S A P C W R P T S G A T R W P T R
 G A P Q A G D R L P V R Q G G R H G
 G P Q S P V M A S H F G S D E V T D

 CGG GCC GAC CGA CCC GTG GTA GCG CCT CAC CTT GGG CGA CAG GAG GTG CCA CAG
 35757 35766 35775 35784 35793 35802
 GCC CGG CTG GCT GGG CAC CAT CGC GGA GTG GAA CCC GCT GTC CTC CAC GGT GTC

 A R L A G H H R G V E P A V L H G V
 P G W L G T I A E W N P L S S T V S
 P A G W A P S R S G T R C P P R C P

 R G P A T R C D P R * P R S R P R R
 G A P L Q E A I R A D R A A G P D G
 A Q R S S N P L G P T V P P E Q T A

 GCG GAC GGC CCT CGA CAA GCC GTT AGG CCC GCA GTG CCC GCC GAG GAC CCA GCG
 35811 35820 35829 35838 35847 35856
 CGC CTG CCG GGA GCT GTT CGG CAA TCC GGG CGT CAC GGG CGG CTC CTG GGT CGC

 R L P G A V R Q S G R H G R L L G R
 A C R E L F G N P G V T G G S W V A
 P A G S C S A I R A S R A A P G S P

 A R S R A P R R R A R V A A P A R R
 L V R D L Q G D G P G Y Q Q Q H E E
 S C A I S S A T A Q G T S S S T S K

 GCT CGT GCG CTA GCT CGA CCG GCA GCG GAC CGG GCA TGA CGA CGA CCA CGA GAA
 35865 35874 35883 35892 35901 35910
 CGA GCA CGC GAT CGA GCT GGC CGT CGC CTG GCC CGT ACT GCT GCT GGT GCT CTT

R A R D R A G R R L A R T A A G A L
E H A I E L A V A W P V L L L V L F
S T R S S W P S P G P Y C C W C S S

A A T P A G S G S A * G I V V S S P
H R Q R H A A V P R E A S S W P L L
T G S D T R R * R V S L R H G R F F

GCA CGG CGA CAG CCA CGC GGC GAT GGC CTG CGA GTC GGC TAC TGG TGC CTT CTT
35919 35928 35937 35946 35955 35964
CGT GCC GCT GTC GGT GCG CCG CTA CCG GAC GCT CAG CCG ATG ACC ACG GAA GAA

R A A V G A P L P D A Q P (M) T T E E
V P L S V R R Y R T L S R * P R K K
C R C R C A A T G R S A D D H G R R

F G A I L A S G R A T R S * R V M R
S V P S S R R V A H R G A R G S W A
P F R R H A G F R T G D P E V P G H

CCC TTT GGC CGC TAC TCG CGG CTT GGC GCA CGG CAG GCC GAG ATG GCC TGG TAC
35973 35982 35991 36000 36009 36018
GGG AAA CCG GCG ATG AGC GCC GAA CCG CGT GCC GTC CGG CTC TAC CGG ACC ATG

G K P A M S A E P R A V R L Y R T M
G N R R * A P N R V P S G S T G P C
E T G D E R R T A C R P A L P D H A

R I L S N S S R Q R A I D S D P S I
G S * P I R L V S G P S T A T R P S
A Q D P F E F F A A Q R H R Q G P L

GCG GAC TAG TCC CTT AAG CTT CTT GCG ACG GAC CGC TAC AGC GAC AGG CCC CTC
36027 36036 36045 36054 36063 36072
CGC CTG ATC AGG GAA TTC GAA GAA CGC TGC CTG GCG ATG TCG CTG TCC GGG GAG

R L I R E F E E R C L A M S L S G E
A * S G N S K N A A W R C R C P G R
P D Q G I R R T L P G D V A V R G D

T P P M W G * M P W S A T A A P T Q
R R R C G G R C R G P P P P R R P R
D D A A D V G V D A L L R H G G P D

TAG CAG CCG CCG TAG GTG GGG ATG TAG CCG GTC CTC CGC CAC CGG CGG CCC CAG
36081 36090 36099 36108 36117 36126
ATC GTC GGC GGC ATC CAC CCC TAC ATC GGC CAG GAG GCG GTG GCC GCC GGG GTC

I V G G I H P Y I G Q E A V A A G V
S S A A S T P T S A R R R W P P G S
R R R H P P L H R P G G G G R R G L

A A S V S S S T T V L V W R P W P W
R P A * R R R R R * W C G D R G H G
A R R E G V V V D D G A G M A A M A

ACG CGC CGC GAG TGG CTG CTG CTG CAG CAG TGG TCG TGG GTA GCG CCG GTA CCG

36135 36144 36153 36162 36171 36180
 TGC GCG GCG CTC ACC GAC GAC GAC GTC GTC ACC AGC ACC CAT CGC GGC CAT GGC

 C A A L T D D D V V T S T H R G H G
 A R R S P T T T S S P A P I A A M A
 R G A H R R R R R H Q H P S R P W P

 T R A L P A S G F R I S A S S H P V
 R G R W P L R G S A S A P R A T R C
 V D E G L S G V R L P H Q G L Q A A

 GTG CAG GAG CGG TTC CCT CGG CTG GGC TTC GCC TAC GAC CGG CTC GAC ACG CCG
 36189 36198 36207 36216 36225 36234
 CAC GTC CTC GCC AAG GGA GCC GAC CCG AAG CGG ATG CTG GCC GAG CTG TGC GGC

 H V L A K G A D P K R M L A E L C G
 T S S P R E P T R S G C W P S C A A
 R P R Q G S R P E A D A G R A V R H

 V A P R F R P R P P E I C A A S T L
 S R R G S G P G R R S S A R R R R *
 R G G A Q V P A A A A R H V G G V D

 TGC TGG CGG CCG GAC TTG GCC CCG GCG CCG CCG AGC TAC GTG CGG CGG CTG CAG
 36243 36252 36261 36270 36279 36288
 ACG ACC GCC GGC CTG AAC CGG GGC CGC GGC GGC TCG ATG CAC GCC GCC GAC GTC

 T T A G L N R G R G G S M H A A D V
 R P P A * T G A A A A R C T P P T S
 D R R P E P G P R R L D A R R R R Q

 R P T * P A L P M T P A P A G M A A
 G R R R H R W R C R P P P R G W R R
 A E A D I A G V A D H P R A G G D G

 TCG GAG CCG CAG ATA CCG CGG TTG CCG TAG CAC CCC CGC CCG CGG GGG TAG CCG
 36297 36306 36315 36324 36333 36342
 AGC CTC GGC GTC TAT GGC GCC AAC GGC ATC GTG GGG GCG GGC GCC CCC ATC GCC

 S L G V Y G A N G I V G A G A P I A
 A S A S M A P T A S W G R A P P S P
 P R R L W R Q R H R G G G R P H R R

 P A A Q D N W R R P S P R T A T A K
 R H P R T T G A A R H R G P P P P R
 G T R G P R E L P A T V A P H R H G

 CGG CCA CGC CGG ACC AGC AAG GTC GCC GCG CCA CTG CCG GCC CAC CGC CAC CGG
 36351 36360 36369 36378 36387 36396
 GCC GGT GCG GCC TGG TCG TTC CAG CGG CGC GGT GAC GGC CGG GTG GCG GTG GCC

 A G A A W S F Q R R G D G R V A V A
 P V R P G R S S G A V T A G W R W P
 R C G L V V P A A R * R P G G G G L

 K P S P A S L W P T T S S A N L R A
 R R R R H A * G P R P A P P T * G P

E E A V T R E A L A H H Q L R E V Q
 AAG AAG CCG CTG CCA CGC GAG TCG GTC CCG CAC CAC GAC CTC CGC AAG TTG GAC
 36405 36414 36423 36432 36441 36450
 TTC TTC GGC GAC GGT GCG CTC AGC CAG GGC GTG GTG CTG GAG GCG TTC AAC CTG
 F F G D G A L S Q G V V L E A F N L
 S S A T V R S A R A W C W R R S T W
 L R R R C A Q P G R G A G G V Q P G
 A R H R S G T T N T Q S F L P * A V
 P G T A A A P P T R R R S C R S R S
 R G Q P P Q R H H E D A L V V A V R
 CGC CGG GAC ACC GCC GAC GGC CAC CAC AAG CAG ACG CTC TTG TTG CCG ATG CGC
 36459 36468 36477 36486 36495 36504
 GCG GCC CTG TGG CGG CTG CCG GTG GTG TTC GTC TGC GAG AAC AAC GGC TAC GCG
 A A L W R L P V V F V C E N N G Y A
 R P C G G C R W C S S A R T T A T R
 G P V A A A G G V R L R E Q R L R D
 L R G S S R A S A P S G T S L A A P
 W G A A P G P A P R R G P P S P P R
 G A Q R Q V P R Q G A V R H L P R G
 TGG TCG GAC GGC GAC CTG GCC CGC GAC CGG CCG CTG GGC CAC CTC TCC CGC CGG
 36513 36522 36531 36540 36549 36558
 ACC AGC CTG CCG CTG GAC CGG GCG CTG GCC GGC GAC CCG GTG GAG AGG GCG GCC
 T S L P L D R A L A G D P V E R A A
 P A C R W T G R W P A T R W R G R P
 Q P A A G P G A G R R P G G E G G R
 N P R V A R A T S P I S A S A T A S
 T R G S P A R P P R F P R R R R R R
 P E A Q R R A R H V S H V G V G D G
 CCC AAG CCG GAC TGC CGC GCG CGC CAC CTG CCT TAC CTG CGG CTG CGG CAG CGG
 36567 36576 36585 36594 36603 36612
 GGG TTC GGC CTG ACG GCG CGC GCG GTG GAC GGA ATG GAC GCC GAC GCC GTC GCC
 G F G L T A R A V D G M D A D A V A
 G S A * R R A R W T E W T P T P S P
 V R P D G A R G G R N G R R R R R R
 A A A S A T S R Q R R P P P G V K R
 R P R R P R R V S G G P R R D W R G
 V R G G L G D F A A A P A A T G G E
 CTG CGC CGG CGG CTC CGG CAG CTT GCG ACG GCG GCC CCG CCG CCA GGG TGG AAG
 36621 36630 36639 36648 36657 36666
 GAC GCG GCC GCC GAG GCC GTC GAA CGC TGC CGC CGG GGC GGC GGT CCC ACC TTC
 D A A A E A V E R C R R G G G P T F
 T R P P R P S N A A A G A A V P P S
 R G R R G R R T L P P G R R S H L P

S Q R V * R N L P W W E K S S C T P
 P S G C R G T * R G G S R R P A P P
 Q V A A G V P E V A V V G E L L L H

 GAC CTG ACG GCG TGG ATG GCC AAG TTG CCG GTG GTG AGG AAG CTC CTC GTC CAC
 36675 36684 36693 36702 36711 36720
 CTG GAC TGC CGC ACC TAC CGG TTC AAC GGC CAC CAC TCC TTC GAG GAG CAG GTG

 L D C R T Y R F N G H H S F E E Q V
 W T A A P T G S T A T T P S R S R W
 G L P H L P V Q R P P L L R G A G G

 S F * R S S A S T P S H R A R S G S
 A S S G P R R R P R R T A H A H G A
 P Q V V P V V G L D A L P T R T V R

 CCC GAC TTG ATG GCC CTG CTG CGG CTC CAG CCG CTC ACC GCA CGC GCA CTG GGC
 36729 36738 36747 36756 36765 36774
 GGG CTG AAC TAC CGG GAC GAC GCC GAG GTC GGC GAG TGG CGT GCG CGT GAC CCG

 G L N Y R D D A E V G E W R A R D P
 G * T T G T T P R S A S G V R V T R
 A E L P G R R R G R R V A C A * P A

 R V W L V R T S P A V A P A M S A S
 A C G S C G R P R H S P R R W R R R
 Q A G L A G A H V T R R G A G D V G

 GAC GCG TGG GTC TCG TGG GCG CAC CTG CCA CGC TGC CGG CCG CGG TAG CTG CGG
 36783 36792 36801 36810 36819 36828
 CTG CGC ACC CAG AGC ACC CGC GTG GAC GGT GCG ACG GCC GGC GCC ATC GAC GCC

 L R T Q S T R V D G A T A G A I D A
 C A P R A P A W T V R R P A P S T P
 A H P E H P R G R C D G R R H R R R

 V L V S I S S A T S N A R A P R A G
 S W C A S R R P R P T R G R P G P G
 L G A R Q D V L G H L E G A R A P G

 CTC TGG TCG TGC GAC TAG CTG CTC CGG CAC CTC AAG CGG GCG CGC CCG GCC CGG
 36837 36846 36855 36864 36873 36882
 GAG ACC AGC ACG CTG ATC GAC GAG GCC GTG GAG TTC GCC CGC GCG GGC CGG GCC

 E T S T L I D E A V E F A R A G R A
 R P A R * S T R P W S S P A R A G P
 D Q H A D R R G R G V R P R G P G P

 S G A S A S C W R * A S P V V G R G
 R G R R P A A G G K H R R C S G V A
 G V G G L R Q V V K I G V A R G W P

 GGG CTG GGG CGG CTC CGC GAC GTG GTG GAA ATA CGG CTG CCG TGC TGG GGT GCC
 36891 36900 36909 36918 36927 36936
 CCC GAC CCC GCC GAG GCG CTG CAC CAC CTT TAT GCC GAC GGC ACG ACC CCA CGG

P D P A E A L H H L Y A D G T T P R
P T P P R R R C T T F M P T A R P H G
R P R R G A A P P L C R R H D P T A

P T I I Q H S C K R V D G R Q V L R
R L S S R I A A S A Y M V A S F W A
G S H H D S P Q V Q T C * R A S G P

GGG CCT CAC TAC TAG ACT ACC GAC GTG AAC GCA TGT AGT GGC GCG ACT TGG TCC
36945 36954 36963 36972 36981 36990
CCC GGA GTG ATG ATC TGA TGG CTG CAC TTG CGT ACA TCA CCG CGC TGA ACC AGG

P G V M I * W L H L R T S P R * T R
P E * * S D G C T C V H H R A E P G
R S D D L (M) A A L A Y I T A L N Q A

B2

Q V V L H R A V V A D A D E A L V H
S C S S I A R S S R T Q T K P S S T
A A R R S P A R R G R R R R R R P R

GCG ACG TGC TGC TCT ACC GCG CGC TGC TGG CGC AGA CGC AGA AGC CGC TCC TGC
36999 37008 37017 37026 37035 37044
GCG TGC ACG ACG AGA TGG CGC GCG ACG ACC GCG TCT GCG TCT TCG GCG AGG ACG

R C T T R W R A T T A S A S S A R T
A A R R D G A R R P R L R L R R G R
L H D E M A R D D R V C V F G E D V

P D A E G L D G L A Q V L A E A V S
R I P R V W T A L P R C S R K P S P
A S R G * G P R W P G A R A S R R R

ACG CCT AGC CGG AGT GGG TCC AGC GGT TCC CGG ACG TGC TCG CGA AGC CGC TGC
37053 37062 37071 37080 37089 37098
TGC GGA TCG GCC TCA CCG AGG TCG CCA AGG GCC TGC ACG AGC GCT TCG GCG ACG

C G S A S P R S P R A C T S A S A T
A D R P H P G R Q G P A R A L R R R
R I G L T Q V A K G L H E R F G D G

A D D V G G Q R L L G E G A Q G G A
R T T S V G R D S C A K V L R A V P
V R R R C G G T P A P R * W G P W R

CTG CGC AGC AGC TGT GGG GGG ACA GCC TCG TCC GGA AGT GGT CGG ACC GGT GGC
37107 37116 37125 37134 37143 37152
GAC GCG TCG TCG ACA CCC CCC TGT CGG AGC AGG CCT TCA CCA GCC TGG CCA CCG

D A S S T P P C R S R P S P A W P P
T R R R H P P V G A G L H Q P G H R
R V V D T P L S E Q A F T S L A T G

R R H R P L S R D H L V L D G R Q E
A A I A P C R G T T S Y W I G E S S
R P S P P A A V P R P T G S G R A A

CGC GCC GCT ACC GCC CCG TCG CTG GCC AGC ACC TCA TGG TCT AGG GGA GCG ACG

37161 37170 37179 37188 37197 37206
 GCG CGG CGA TGG CGG GGC AGC GAC CGG TCG TGG AGT ACC AGA TCC CCT CGC TGC

 A R R W R G S D R S W S T R S P R C
 R G D G G A A T G R G V P D P L A A
 A A M A G Q R P V V E Y Q I P S L L

 I Q H E L L D G V L R V L E R Q H G
 * R T N S C I A L W A C L N E S I V
 R D P T R A S R W G P A C T R A S S

 AGA TAG ACC ACA AGC TCG TCT AGC GGT TGG TCC GCG TGT TCA AGA GCG ACT ACT
 37215 37224 37233 37242 37251 37260
 TCT ATC TGG TGT TCG AGC AGA TCG CCA ACC AGG CGC ACA AGT TCT CGC TGA TGA

 S I W C S S R S P T R R T S S R * *
 L S G V R A D R Q P G A Q V L A D D
 Y L V F E Q I A N Q A H K F S L M T

 T P L H L D R D G I Q H R A G T R A
 P P C T S T G T V * R T G P E P E R
 R H A P P P G P * R D P A P S R N A

 GC CAC CCG TCC ACC TCC AGG GCC AGT GGA TAG ACC ACG GCC CGA GGC CAA GCG
 37269 37278 37287 37296 37305 37314
 CCG GTG GGC AGG TGG AGG TCC CGG TCA CCT ATC TGG TGC CGG GCT CCG GTT CGC

 P V G R W R S R S P I W C R A P V R
 R W A G G G P G H L S G A G L R F A
 G G Q V E V P V T Y L V P G S G S R

 R A H G A L V G V M G V A Q E C V D
 E P M A P W C E S W G * L R N A C T
 S P C P R G A S R G D R C G T R V R

 CGA GCC CGT ACC GGC CGG TCG TGA GGC TGG TAG GGA TGT CGG ACA AGC GTG TGC
 37323 37332 37341 37350 37359 37368
 GCT CGG GCA TGG CCG GCC AGC ACT CCG ACC ATC CCT ACA GCC TGT TCG CAC ACG

 A R A W P A S T P T I P T A C S H T
 L G H G R P A L R P S L Q P V R T R
 S G M A G Q H S D H P Y S L F A H V

 A D L R D Q G G G G R V G V A Q Q E
 P M L V T R G A V A E S A * P R S S
 R C * S P G A R W R R P R R R G A A

 AGC CGT AGT TCT GCC AGG ACG GGC GGT GGC GGA GCC TGC GGA TGC CGG ACG ACG
 37377 37386 37395 37404 37413 37422
 TCG GCA TCA AGA CGG TCC TGC CCG CCA CCG CCT CGG ACG CCT ACG GCC TGC TGC

 S A S R R S C P P P P R T P T A C C
 R H Q D G P A R H R L G R L R P A A
 G I K T V L P A T A S D A Y G L L L

 R R D T V R V R H G D E R R A R Q H
 E A T R S G S G T A T K A G L A S I

R P P G H G P G P P R R R A S R A S
 AGA GCC GCC AGG CAC TGG GCC TGG GCC ACC GGC AGA AGC GCG GCT CGC GCG ACT
 37431 37440 37449 37458 37467 37476
 TCT CGG CGG TCC GTG ACC CGG ACC CGG TGG CCG TCT TCG CGC CGA GCG CGC TGA
 S R R S V T R T R W P S S R R A R *
 L G G P * P G P G R L R A E R A D
 S A V R D P D P V A V F A P S A L M
 A R D L L D G A L E A R H R E P R G
 P V T S S T E P S S P G T G S P D A
 P C P R P P R R R A R G P A A R T P
 ACC CGT GCC AGC TCC TCC AGA GGC CGC TCG AGC CGG GCC ACG GCG AGC CCA GCC
 37485 37494 37503 37512 37521 37530
 TGG GCA CGG TCG AGG AGG TCT CCG GCG AGC TCG GCC CGG TGC CGC TCG GGT CGG
 W A R S R R S P A S S A R C R S G R
 G H G R G G L R R A R P G A A R V G
 G T V E E V S G E L G P V P L G S A
 P D V A R A L V D G D D G G A L A H
 R I W R V P S S T V T T A V P W H T
 G S G G C P R P R * R R R W R G T R
 GGG CCT AGG TGG CGT GCC CGC TCC TGC AGT GGC AGC AGC GGT GGC CGG TCA CGC
 37539 37548 37557 37566 37575 37584
 CCC GGA TCC ACC GCA CGG GCG AGG ACG TCA CCG TCG TCG CCA CCG GCC AGT GCG
 P G S T A R A R T S P S S P P A S A
 P D P P H G R G R H R R R H R P V R
 R I H R T G E D V T V V A T G Q C V
 M D G Q G D R L G H R V L R R D L H
 C T A R A T A S A M A S S A D I S T
 A H R G P R R P P W P P R P T S R P
 ACG TAC AGC GGG ACC GGC AGC GCC TCC GGT ACC GCC TGC TCC GCA GCT AGC TCC
 37593 37602 37611 37620 37629 37638
 GGC ATG TCG CCC TGG CCG TCG CGG AGG CCA TGG CGG ACG AGG CGT CGA TCG AGG
 C M S P W P S R R P W R T R R R S R
 A C R P G R R G G H G G R G V D R G
 H V A L A V A E A M A D E A S I E V
 H I R A R D V R H V P L R D P R R R
 T S G R V I * G T S Q S V I R A D A
 P P D A C S R G P P S P S S G P T P
 ACC ACC TAG GCG CGT GCT AGA TGG GCC ACC TGA CCC TCT GCT AGG CCC GCA GCC
 37647 37656 37665 37674 37683 37692
 TGG TGG ATC CGC GCA CGA TCT ACC CGG TGG ACT GGG AGA CGA TCC GGG CGT CGG
 W W I R A R S T R W T G R R S G R R
 G G S A H D L P G G L G D D P G V G
 V D P R T I Y P V D W E T I R A S A

L L G S P Q D D D I V G V P H A P E
 S F V P R S T T M S A L R I H P N
 P S S R V A P R * R H R W G S T R T

 GCC TCT TCT GGC CTG CCG ACC AGC AGT AGC TAC TGC GGT TGG CCT ACA CGC CCA
 37701 37710 37719 37728 37737 37746
 CGG AGA AGA CCG GAC GGC TGG TCG TCA TCG ATG ACG CCA ACC GGA TGT GCG GGT

 R R R P D G W S S S M T P T G C A G
 G E D R T A G R H R * R Q P D V R V
 E K T G R L V V I D D A N R M C G F

 A A L H Q G G R R L L E I Q R G P G
 P P S T S A V A A S C N S R V A R G
 R R R P A P W R P P A T R D S P G A

 AGC CGC CGC TCC ACG ACC GGT GGC GCC GCC TCG TCA AGC TAG ACT GCC GGG CCG
 37755 37764 37773 37782 37791 37800
 TCG GCG GCG AGG TGC TGG CCA CCG CGG CGG AGC AGT TCG ATC TGA CGG CCC GGC

 S A A R C W P P R R S S S I * R P G
 R R R G A G H R G G A V R S D G P A
 G G E V L A T A A E Q F D L T A R P

 P P H G P R V A R D D G V R E H E V
 R R T V R G S P A T M G * A S T S S
 G A P S G A P R R P * G R R A R A R

 GGG CCG CCC ACT GGG CCG GCC TGC CGC GCC AGT AGG GGA TGC GCG AGC ACG AGC
 37809 37818 37827 37836 37845 37854
 CCC GGC GGG TGA CCC GGC CGG ACG GCG CGG TCA TCC CCT ACG CGC TCG TGC TCG

 P G G * P G R T A R S S P T R S C S
 P A G D P A G R R G H P L R A R A R
 R R V T R P D G A V I P Y A L V L D

 L R Q Q R V R G L Q G V R D T G D Q
 W A N S G S A A W S V S A I R A T R
 G P T A A P R P G A S R R S G H R G

 TGG TCC GCA ACG ACG GCC TGC GCC GGG TCG ACT GGC TGC GCT AGG CAC GGC AGG
 37863 37872 37881 37890 37899 37908
 ACC AGG CGT TGC TGC CGG ACG CGG CCC AGC TGA CCG ACG CGA TCC GTG CCG TCC

 T R R C C R T R P S * P T R S V P S
 P G V A A G R G P A D R R D P C R P
 Q A L L P D A A Q L T D A I R A V L

 L S A A R R P G S E F P L S S S N R
 F H R P V V L G Q S S R S L L H I G
 S T V R C S S A R V R V P S F I F E

 ACT TCA CTG CGC CGT GCT GCT CCG GGA CTG AGC TTG CCC TCT CTT CTA CTT AAG
 37917 37926 37935 37944 37953 37962
 TGA AGT GAC GCG GCA CGA CGA GGC CCT GAC TCG AAC GGG AGA GAA GAT GAA TTC

GT3

* S D A A R R G P D S N G R E D E F
E V T R H D E A L T R T G E K (M) N S
K * R G T T R P * L E R E R R * I P
A D A A P R S S * R R S W R A T S A
L T P R P D H R D G D P G V L Q A P
S R R G R T T V I V T P V L S S H Q

GCT CGC AGC CGG CGC CCA GCA CTG CTA GTG GCA GCC CTG GTT GCT CGA CAC GAC
37971 37980 37989 37998 38007 38016
CGA GCG TCG GCC GCG GGT CGT GAC GAT CAC CGT CGG GAC CAA CGA GCT GTG CTG

R A S A A G R D D H R R D Q R A V L
E R R P R V V T I T V G T N E L C W
S V G R G S * R S P S G P T S C A G
P G T D R S R A P C R C W R S R G P
Q V P T E A G Q Q V A V G G A E V Q
S S R H R P E K S S L S V V P K S R

CGA CCT GGC CAC AGA GCC GAG GAA CGA CCT GTC GCT GTG GTG GCC GAA GCT GGA
38025 38034 38043 38052 38061 38070
GCT GGA CCG GTG TCT CGG CTC CTT GCT GGA CAG CGA CAC CAC CGG CTT CGA CCT

A G P V S R L L A G Q R H H R L R P
L D R C L G S L L D S D T T G F D L
W T G V S A P C W T A T P P A S T W
P R S R R C R S P P R C H R A H A R
L D A V D V V V R R V A T D L M H A
S T Q * T S L S E A S P L T S C T R

CCT CCA GAC GAT GCA GCT GTT GCT GAG CCG CCT GCC GTC ACA GCT CGT ACA CGC
38079 38088 38097 38106 38115 38124
GGA GGT CTG CTA CGT CGA CAA CGA CTC GGC GGA CGG CAG TGT CGA GCA TGT GCG

G G L L R R Q R L G G R Q C R A C A
E V C Y V D N D S A D G S V E H V R
R S A T S T T T R R T A V S S M C A
S R A R P S S * G C R G C D P S R R
R G P G R H R D D A V V A I Q A E G
A V Q G A T V I M R L S R L R P K A

GCG CTG GAC CGG GCG CCA CTG CTA GTA GGC GTT GCT GGC GTT AGA CCC GAA GCG
38133 38142 38151 38160 38169 38178
CGC GAC CTG GCC CGC GGT GAC GAT CAT CCG CAA CGA CCG CAA TCT GGG CTT CGC

R D L A R G D D H P Q R P Q S G L R
A T W P A V T I I R N D R N L G F A
R P G P R * R S S A T T A I W A S P
P S C R R C G G R G P T R R P S R T
P R V V D A D A A G Q L G A R V V H
P A F L T P M R R A R S D P A S * T

GCC CCG CTT GTT GCA GCC GTA GGC GGC GCG GGA CCT CAG GCC GCG CCT GAT GCA

38187 38196 38205 38214 38223 38232
 CGG GGC GAA CAA CGT CGG CAT CCG CCG CGC CCT GGA GTC CGG CGC GGA CTA CGT

 R G E Q R R H P P R P G V R R G L R
 G A N N V G I R R A L E S G A D Y V
 G R T T S A S A A P W S P A R T T C

 G R * G R C R S A A R G P A R V * R
 E E D V G V G P R R G V Q H A S E G
 N R T L G S V Q V G G S R T R P S V

 CAA GGA GCA GTT GGG GCT GTG GAC CTG CGG CGG GCT GGA CCA CGC GCC TGA GTG
 38241 38250 38259 38268 38277 38286
 GTT CCT CGT CAA CCC CGA CAC CTG GAC GCC GCC CGA CCT GGT GCG CGG ACT CAC

 V P R Q P R H L D A A R P G A R T H
 F L V N P D T W T P P D L V R G L T
 S S S T P T P G R R P T W C A D S P

 V P R P I A P T R C R R G A A T G S
 F Q G L F P R L V A D D A R Q L V A
 S S A S S H G S Y P M T P G S C Y R

 GCT TGA CCG GCT CCT TAC CGG CCT CAT GCC GTA GCA GCC GGG CGA CGT CAT GGC
 38295 38304 38313 38322 38331 38340
 CGA ACT GGC CGA GGA ATG GCC GGA GTA CGG CAT CGT CGG CCC GCT GCA GTA CCG

 R T G R G M A G V R H R R P A A V P
 E L A E E W P E Y G I V G P L Q Y R
 N W P R N G R S T A S S A R C S T A

 R G R S W P A R R T * R T S A C P G
 V V G V G R R E V L E V L P R V R G
 * S G S E V A S S S N L S H V C V A

 GAT GCT GGG GCT GAG GTG CCG CGA GCT GCT CAA GTT GCT CAC CTG CGT GTG CCG
 38349 38358 38367 38376 38385 38394
 CTA CGA CCC CGA CTC CAC GGC GCT CGA CGA GTT CAA CGA GTG GAC GCA CAC GGC

 L R P R L H G A R R V Q R V D A H G
 Y D P D S T A L D E F N E W T H T A
 T T P T P R R S T S S T S G R T R P

 T A P R A A R R R R R S R G D R G
 Q P Q A L L V G E G A V P D G M G G
 R H S P S C C A K A P S P I A W G E

 GGA CAC CGA CCC GCT CGT CGT GCG GAA GCG GCC GCT GCC CTA GCG GGT AGG GAG
 38403 38412 38421 38430 38439 38448
 CCT GTG GCT GGG CGA GCA GCA CGC CTT CGC CGG CGA CGG GAT CGC CCA TCC CTC

 P V A G R A A R L R R R R D R P S L
 L W L G E Q H A F A G D G I A H P S
 C G W A S S T P S P A T G S P I P P

 P P A A S P A P G V S A P A R R H A
 R R P Q R L P P G W P R Q L V G I H

G A P S G F P R A G R V S S C A * T

 GGG CCG CCC CGA CGG CTT CCC CGC CCG GGG TGC CTG CGA CCT CGT GCG GAT ACA
 38457 38466 38475 38484 38493 38502
 CCC GGC GGG GCT GCC GAA GGG GCG GGC CCC ACG GAC GCT GGA GCA CGC CTA TGT

 P G G A A E G A G P T D A G A R L C
 P A G L P K G R A P R T L E H A Y V
 R R G C R R G G P H G R W S T P M C

 P N P A R R G S R S A A R S R A A R
 L T R R E E G P G R H Q A L D P Q E
 C P E A S K A R V A I S R S I P S S

 CGT CCC AAG CCG CGA GAA GCG GGC CTG GCG CTA CGA CGC GCT CTA GCC CGA CGA
 38511 38520 38529 38538 38547 38556
 GCA GGG TTC GGC GCT CTT CGC CCG GAC CGC GAT GCT GCG CGA GAT CGG GCT GCT

 A G F G A L R P D R D A A R D R A A
 Q G S A L F A R T A M L R E I G L L
 R V R R S S P G P R C C A R S G C S

 R P A A C R S R P S R G T G G P G S
 V L H Q V G V V L L G V Q A A P G A
 S S T S C V * * S S V S R H R R A R

 GCT GCT CCA CGA CGT GTG GAT GAT GCT CCT CTG GCT GGA CAC GGC GGC CCG GGC
 38565 38574 38583 38592 38601 38610
 CGA CGA GGT GCT GCA CAC CTA CTA CGA GGA GAC CGA CCT GTG CCG CCG GGC CCG

 R R G A A H L L R G D R P V P P G P
 D E V L H T Y Y E E T D L C R R A R
 T R C C T P T T R R P T C A A G P A

 P P S A P P G A G P G P C G A G P R
 P R A P P H G Q V Q V Q A D L V P A
 Q A P Q R T A R C R S R P M W C R P

 GAC CCG CCC GAC CGC CCA CCG GGA CGT GGA CCT GGA CCC GTA GGT CGT GGC CCC
 38619 38628 38637 38646 38655 38664
 CTG GGC GGG CTG GCG GGT GGC CCT GCA CCT GGA CCT GGG CAT CCA GCA CCG GGG

 L G G L A G G P A P G P G H P A P G
 W A G W R V A L H L D L G I Q H R G
 G R A G G W P C T W T W A S S T G A

 R R P S R P W C T C G P G C A A C G
 A A P R G H G A R V A P D V H P A V
 P P P A V T A L V Y L R T W M R R L

 GCC GCC GCC CCG CTG GCA CCG GTC GTG CAT GTC GGC CCA GGT GTA CGC CGC GTT
 38673 38682 38691 38700 38709 38718
 CGG CGG CGG GGC GAC CGT GGC CAG CAC GTA CAG CCG GGT CCA CAT GCG GCG CAA

 R R R G D R G Q H V Q P G P H A A Q
 G G G A T V A S T Y S R V H M R R N
 A A G R P W P A R T A G S T C G A T

S S S G R * R R R S A G P S P R G A
 A V V V E E G V D V P V R R L G G P
 R * * * R K V S T S Q C G A F A A R

 GGC GAT GAT GAT GGA GAA GTG GCT GCA GCT GAC CGT GGG CCG CTT CCG GCG GGC
 38727 38736 38745 38754 38763 38772
 CCG CTA CTA CTA CCT CTT CAC CGA CGT CGA CTG GCA CCC GGC GAA GGC CGC CCG

 P L L L P L H R R R L A P G E G R P
 R Y Y Y L F T D V D W H P A K A A R
 A T T T S S P T S T G T R R R P P G

 R R A S A R P P G * P G C R R R R G R
 E G P A P E H R V E H A A A D D A A
 S A P R Q S T A S R M P R L T T P R

 CGA GCG GCC CGC GAC CGA GCA CCG CCT GGA GTA CCC GGC GTC GCA GCA GCC GGC
 38781 38790 38799 38808 38817 38826
 GCT CGC CGG GCG CTG GCT CGT GGC GGA CCT CAT GGG CCG CAG CGT CGT CGG CCG

 A R R A L A R G G P H G P Q R R R P
 L A G R W L V A D L M G R S V V G R
 S P G A G S W R T S W A A A S S A A

 G P R S R L A P S W R P A A S A R R
 D R G R G S R P L G D L R Q A P E G
 T G A A V P A R S V M S A S R Q S A

 GCA GGC CCG GCG CTG GCC TCG CGC CCT CTG GTA GCT CCG CGA CGC GAC CGA GCG
 38835 38844 38853 38862 38871 38880
 CGT CCC GGC CGC GAC CGG AGC GCG GGA GAC CAT CGA GGC GCT GCG CTG GCT CGC

 R P G R D R S A G D H R G A A L A R
 V P A A T G A R E T I E A L R W L A
 S R P R P E R G R P S R R C A G S P

 G P A S W A T G G G P G G R A A R E
 V P H R G H P G A A P V V A R Q A S
 S R T G V M R D R R R S W R A S R A

 GCT GGC CCA CGG CTG GTA CGC CAG GGC GGC GGC CCT GGT GGC GCG CGA CGC GCG
 38889 38898 38907 38916 38925 38934
 CGA CCG GGT GCC GAC CAT GCG GTC CCG CCG CCG GGA CCA CCG CGC GCT GCG CGC

 R P G A D H A V P P P G P P R A A R
 D R V P T M R S R R R D H R A L R A
 T G C R P C G P A A G T T A R C A L

 R R A R R P S P P T R I L G N F T A
 A A P A A R R L P R G S S A T S P P
 R P P R P A A F P A D Q H P R Q L H

 AGC GCC GCC CGC GCC GCG CCG CTT CCC CCG CAG GAC TAC TCC GGC AAC TTC CAC
 38943 38952 38961 38970 38979 38988
 TCG CGG CGG GCG CGG CGC GGC GAA GGG GGC GTC CTG ATG AGG CCG TTG AAG GTG

S R R A R R G E G G V L (M) R P L K V GT4
 R G G R G A A K G A S * G R * R W
 A A G A A R R R G R P D E A V E G G
 S T L M G S R T G P L S A Q I E T G
 A P * C G A A P G P S R H R S R R V
 R Q D V D R Q P D R P A I G P D G Y

 CGC GAC CAG TTG TAG GGC GAC GCC CAG GGC CCC TCG CTA CGG ACC TAG AGG CAT
 38997 39006 39015 39024 39033 39042
 GCG CTG GTC AAC ATC CCG CTG CGG GTC CCG GGG AGC GAT GCC TGG ATC TCC GTA

 A L V N I P L R V P G S D A W I S V
 R W S T S R C G S R G A M P G S P Y
 A G Q H P A A G P G E R C L D L R T

 G C P Y P P M W H T T A L R I S P S
 G V P I R R C G T P R R W G S P R A
 G W L S V A A D L P D D G V Q H V P

 GGG GGT GTC CCT ATG CCG CCG TAG GTC ACC CAG CAG CGG TTG GAC TAC CTG CCC
 39051 39060 39069 39078 39087 39096
 CCC CCA CAG GGA TAC GGC GGC ATC CAG TGG GTC GTC GCC AAC CTG ATG GAC GGG

 P P Q G Y G G I Q W V V A N L M D G
 P H R D T A A S S G S S P T * W T G
 P T G I R R H P V G R R Q P D G R A

 S S S P W S T K R S P A G P L G A P
 A P V R G R P R G A P H G P C G P R
 Q Q F E A V L D E Q Q T G R A A R G

 GAC GAC CTT GAG CCG GTG CTC CAG AAG GAC GAC CCA CGG GGC CCG TCG GGC CGG
 39105 39114 39123 39132 39141 39150
 CTG CTG GAA CTC GGC CAC GAG GTC TTC CTG CTG GGT GCC CCG GGC AGC CCG GCC

 L L E L G H E V F L L G A P G S P A
 C W N S A T R S S C W V P R A A R P
 A G T R P R G L P A G C P G Q P G R

 R G P S V T T G A P S G S S I S R H
 V G P A S R R A P P R A P P S R A T
 S A R P Q G D H R R A L R L L D L P

 CCT GCG GGC CCC GAC TGG CAG CAC GGC CGC CCG CTC GGC CTC CTC TAG CTC GCC
 39159 39168 39177 39186 39195 39204
 GGA CGC CCG GGG CTG ACC GTC GTG CCG GCG GGC GAG CCG GAG GAG ATC GAG CGG

 G R P G L T V V P A G E P E E I E R
 D A R G * P S C R R A S R R R S S G
 T P G A D R R A G G R A G G D R A V

 S R V A S T S T T W S W L P P T M P
 A A S R P R R R P G R G C R R H * R
 P Q P G R V D V H D V V V A A T D D

 ACC GAC GCC TGG CGC CTG CAG CTG CAC CAG GTG CTG GTG TCG CCG CCA CAG TAG

39213 39222 39231 39240 39249 39258
 TGG CTG CGG ACC GCG GAC GTC GAC GTG GTC CAC GAC CAC AGC GGC GGT GTC ATC

 W L R T A D V D V V H D H S G G V I
 G C G P R T S T W S T T T A A V S S
 A A D R G R R R G P R P Q R R C H R

 G A P S G G P V A K M L E C W K V V
 G P R A A A P C R R * * S A G S * W
 A R G P Q R R A G G E D A R V V E G

 CCG GGC CGG CCC GAC GGC GGC CCG TGG CGG AAG TAG TCG AGC GTG GTG AAG TGG
 39267 39276 39285 39294 39303 39312
 GGC CCG GCC GGG CTG CCG CCG GGC ACC GCC TTC ATC AGC TCG CAC CAC TTC ACC

 G P A G L P P G T A F I S S H H F T
 A R P G C R R A P P S S A R T T S P
 P G R A A A G H R L H Q L A P L H H

 R G T L G T P Q V * L E R A C R A W
 G A P * G R P S Y R C N G P A A R G
 G P R D V G H A T G V T G P R L A G

 TGG GCC GGC CAG TTG GGG CAC CCG ACA TGG ATG TCA AGG GCC CGC GTC GCG CGG
 39321 39330 39339 39348 39357 39366
 ACC CGG CCG GTC AAC CCC GTG GGC TGT ACC TAC AGT TCC CGG GCG CAG CGC GCC

 T R P V N P V G C T Y S S R A Q R A
 P G R S T P W A V P T V P G R S A P
 P A G Q P R G L Y L Q F P G A A R P

 Q P P P S S A G T I G I G T S G A R
 S R P R R R R A R S G S G P R G P A
 V A P A A V V R G H D R D R D V R R

 GTG ACG CCC CCG CCG CTG CTG CGC GGC CAC TAG GGC TAG GGC CAG CTG GGC CGC
 39375 39384 39393 39402 39411 39420
 CAC TGC GGG GGC GGC GAC GAC GCG CCC GTG ATC CCG ATC CCG GTC GAC CCG GCG

 H C G G G D D A P V I P I P V D P A
 T A G A A T T R P * S R S R S T R R
 L R G R R R R A R D P D P G R P G A

 * R D A A S W T A L S S K R S K M P
 S G T R R P G P P W P P S G A R * P
 A V P G G R V L H G L L V E Q E E H

 GCG ATG GCC AGG CGG CGC CTG GTC CAC CCG TTC CTC CTG AAG GAC GAG AAG TAC
 39429 39438 39447 39456 39465 39474
 CGC TAC CGG TCC GCC GCG GAC CAG GTG GCC AAG GAG GAC TTC CTG CTC TTC ATG

 R Y R S A A D Q V A K E D F L L F M
 A T G P P R T R W P R R T S C S S W
 L P V R R G P G G Q G G L P A L H G

 R T E G C L P A S S A A A N A C A Q
 A P R A A C P P A P P P R T R A R R

P P D R R V L P R Q L R G R E R V G

CCC GCC CAG AGC GGC GTG TTC CCC CGC GAC CTC CGC CGG CGC AAG CGC GTG CGG
39483 39492 39501 39510 39519 39528
GGG CGG GTC TCG CCG CAC AAG GGG GCG CTG GAG GCG GCC GCG TTC GCG CAC GCC

G R V S P H K G A L E A A A F A H A
G G S R R T R G R W R R P R S R T P
A G L A A Q G G A G G G R V R A R L

P R R R T S A P G A Q S G S Y K S S
R G A G P A P R A R R P A P T S R R
A A P A Q H Q G P G G P L R L V E V

ACG CCG GCC GCG GAC CAC GAC CGG CCC GGG CGG ACC CTC GGC CTC ATG AAG CTG
39537 39546 39555 39564 39573 39582
TGC GGC CGG CGC CTG GTG CTG GCC GGG CCC GCC TGG GAG CCG GAG TAC TTC GAC

C G R R L V L A G P A W E P E Y F D
A A G A W C W P G P P G S R S T S T
R P A P G A G R A R L G A G V L R R

I V R R Y P E V T S G I P S T P P S
S * E G T R S S R R A S R H P P R R
L D S A P V A R G D L R D T L H A A

CTC TAG TGA GCG GCC ATG CCG AGC TGG CAG CTC GGC TAG CCA CTC CAC CCG CCG
39591 39600 39609 39618 39627 39636
GAG ATC ACT CGC CGG TAC GGC TCG ACC GTC GAG CCG ATC GGT GAG GTG GGC GGC

E I T R R Y G S T V E P I G E V G G
R S L A G T A R P S S R S V R W A A
D H S P V R L D R R A D R * G G R R

R R S S R S A E A C A T S A M D W A
A A A R G A R R R V R P A P W T G P
L P P E V Q E G G C V R H Q G H G L

CTC GCC GCC GAG CTG GAC GAG CGG AGG CGT GTG CGC CAC GAC CGG TAC AGG GTC
39645 39654 39663 39672 39681 39690
GAG CGG CGG CTC GAC CTG CTC GCC TCC GCA CAC GCG GTG CTG GCC ATG TCC CAG

E R R L D L L A S A H A V L A M S Q
S G G S T C S P P H T R C W P C P R
A A A R P A R L R T R G A G H V P G

T V P G H P P M Q H S G P A V T T E
P * R A T P R C R T R A P H S P P R
R D G P R P A A D P A L R T R R H D

CGC CAG TGG CCC GGC ACC CCG CCG TAG ACC ACG CTC GGC CCA CGC TGC CAC CAG
39699 39708 39717 39726 39735 39744
GCG GTC ACC GGG CCG TGG GGC GGC ATC TGG TGC GAG CCG GGT GCG ACG GTG GTC

A V T G P W G G I W C E P G A T V V
R S P G R G A A S G A S R V R R W S
G H R A V G R H L V R A G C D G G L

S A A T L P V G T T P V P L P Q R A
 R P R R S R C E R R P C P C R S G P
 G L G G H A A S G D H A R A V A A Q

 AGG CTC CGG CGG CAC TCG CCG TGA GGG CAG CAC CCG TGC CCG TTG CCG ACG GAC
 39753 39762 39771 39780 39789 39798
 TCC GAG GCC GCC GTG AGC GGC ACT CCC GTC GTG GGC ACG GGC AAC GGC TGC CTG

 S E A A V S G T P V V G T G N G C L
 P R P P * A A L P S W A R A T A A W
 R G R R E R H S R R G H G Q R L P G

 S I T G E T P S T T P Y P V S K A G
 R S R A R P R R L R P I R C R S R A
 G L D H G R D A F D H S V A G V E R

 CGG CTC TAG CAC GGG AGC CAG CCG CTT CAG CAC CCT ATG CCG TGG CTG AAG CGC
 39807 39816 39825 39834 39843 39852
 GCC GAG ATC GTG CCC TCG GTC GGC GAA GTC GTG GGA TAC GGC ACC GAC TTC GCG

 A E I V P S V G E V V G Y G T D F A
 P R S C P R S A K S W D T A P T S R
 R D R A L G R R S R G I R H R L R A

 S S A R R V R A P S G A D S S T R R
 R R L V G S G P L A A P M R R P G A
 G V F C A P G Q C P Q R C G V L D P

 GGG CTG CTT CGT GCG GCC TGG GAC CGT CCC GAC GGC CGT AGG CTG CTC CAG GCC
 39861 39870 39879 39888 39897 39906
 CCC GAC GAA GCA CGC CGG ACC CTG GCA GGG CTG CCG GCA TCC GAC GAG GTC CGG

 P D E A R R T L A G L P A S D E V R
 P T K H A G P W Q G C R H P T R S G
 R R S T P D P G R A A G I R R G P A

 A A T R N H P W T V I A S R Y T S C
 H P P G T T P G H S S R R V T H P A
 T R R D P Q P A M H R D G F P I H L

 GCA CGC CGC CAG GCC AAC ACC CCG GTA CAC TGC TAG CGG CTT GCC ATA CAC CTC
 39915 39924 39933 39942 39951 39960
 CGT GCG GCG GTC CGG TTG TGG GGC CAT GTG ACG ATC GCC GAA CGG TAT GTG GAG

 R A A V R L W G H V T I A E R Y V E
 V R R S G C G A M * R S P N G M W S
 C G G P V V G P C D D R R T V C G A

 Y R L S S A P A V Q F H P A S A R L
 T G C A A P R L S R S T L P R P G S
 L V A P Q Q G S R G P L S P G L G P

 GTC ATG GCG TCC GAC GAC CGG CCT CGC TGG ACC TTC ACT CCC CGG CTC CGG GCC
 39969 39978 39987 39996 40005 40014
 CAG TAC CGC AGG CTG CTG GCC GGA GCG ACC TGG AAG TGA GGG GCC GAG GCC CGG

Q Y R R L L A G A T W K * G A E A R
 S T A G C W P E R P G S E G P R P G
 V P Q A A G R S D L E V R G R G P E
 P H V A R A E A R R * D K D L W P R
 R T S R G P R P V D D T R T W G P A
 A P P G G P G R C T T L G Q G A L P

 TCG CCC ACC TGG CGG GCC CGG AGC CGT GCA GCA GTC AGG AAC AGG TCG GTC CCC
 40023 40032 40041 40050 40059 40068
 AGC GGG TGG ACC GCC CGG GCC TCG GCA CGT CGT CAG TCC TTG TCC AGC CAG GGG

 S G W T A R A S A R R Q S L S S Q G
 A G G P P G P R H V V S P C P A R G
 R V D R P G L G T S S V L V Q P G A
 P E P D A V E E A A G M F V L V Y A
 R S P T P S R K P R G W S S W C M P
 A A R P R R G R R G G G H L G A C L

 GCG CCG AGC CCC AGC CGC TGG AGA AGC CGG CGG GGG TAC TTC TGG TCG TGT ATC
 40077 40086 40095 40104 40113 40122
 CGC GGC TCG GGG TCG GCG ACC TCT TCG GCC GCC CCC ATG AAG ACC AGC ACA TAG

 R G S G S A T S S A A P M K T S T *
 A A R G R R P L R P P P * R P A H R
 R L G V G D L F G R P H E D Q H I G
 R R T Q D T L N P G A Y H P A R L A
 G A R R T P S I P A R T I R L A C P
 G P A D P R H S Q P G R L A S R A P

 CGG GCC GCG CAG ACC AGC CAC TCT AAC CCC GGG CGC ATT ACG CCT CGC GCG TCC
 40131 40140 40149 40158 40167 40176
 GCC CGG CGC GTC TGG TCG GTG AGA TTG GGG CCC GCG TAA TGC GGA GCG CGC AGG

 A R R V W S V R L G P A * C G A R R
 P G A S G R * D W G P R N A E R A G
 P A R L V G E I G A R V M R S A Q G
 H V V A E G S A L P V P V G A A P D
 T C W P R V R P S P S P C G P P R T
 R A G R G * G L R P P R A G R R G P

 CGC ACG TGG TGC CGG AGT GGG CTC CGC TCC CCC TGC CCG TGG GGC CGC CGG CCC
 40185 40194 40203 40212 40221 40230
 GCG TGC ACC ACG GCC TCA CCC GAG GCG AGG GGG ACG GGC ACC CCG GCG GCC GGG

 A C T T A S P E A R G T G T P A A G
 R A P R P H P R R G G R A P R R P G
 V H H G L T R G E G D G H P G G R V
 V A D T V L G R I R D D D D I H R H
 W R T P * W G G S V T T T T S T G T
 G G R R D G A G P Y P R R R R H A P

 AGG TGG CGC AGC CAG TGG TCG GGG GCC TAT GCC AGC AGC AGC AGC TAC ACG GCC

40239 40248 40257 40266 40275 40284
 TCC ACC GCG TCG GTC ACC AGC CCC CGG ATA CGG TCG TCG TCG TCG ATG TGC CGG

 S T A S V T S P R I R S S S S M C R
 P P R R S P A P G Y G R R R R C A G
 H R V G H Q P P D T V V V V D V P V

 P L V P G L H A G P V Y H L C G S D
 R C C P V S T R A P C M T C A A A T
 A A A R S R P A R R A C L A P L R Q

 ACG CCG TCG TGC CCT GGC TCC ACG CGC GGC CCG TGT ATC ACG TCC GTC GGC GAC
 40293 40302 40311 40320 40329 40338
 TGC GGC AGC ACG GGA CCG AGG TGC GCG CCG GGC ACA TAG TGC AGG CAG CCG CTG

 C G S T G P R C A P G T * C R Q P L
 A A A R D R G A R R A H S A G S R C
 R Q H G T E V R A G H I V Q A A A V

 V T A E D L P T W I S L G R R R C R
 W P P R T W R P G Y A S G A G A A A
 G R H G R G A P D M H Q A R A P P L

 AGG TGC CAC CGG AGC AGG TCG CCC CAG GTA TAC GAC TCG GGC GCG GCC GCC GTC
 40347 40356 40365 40374 40383 40392
 TCC ACG GTG GCC TCG TCC AGC GGG GTC CAT ATG CTG AGC CCG CGC CGG CGG CAG

 S T V A S S S G V H M L S P R R R Q
 P R W P R P A G S I C * A R A G G S
 H G G L V Q R G P Y A E P A P A A A

 P D M Y G E D Q H W P T A A G Y N P
 R T W T A R T R T G P R Q R A T T R
 A P G H L G R G P A L A N G R R L E

 GCG CCC AGG TAC ATC GGG AGC AGG ACC ACG GTC CCG CAA CGG CGC GGC ATC AAG
 40401 40410 40419 40428 40437 40446
 CGC GGG TCC ATG TAG CCC TCG TCC TGG TGC CAG GGC GTT GCC GCG CCG TAG TTC

 R G S M * P S S W C Q G V A A P * F
 A G P C S P R P G A R A L P R R S S
 R V H V A L V L V P G R C R A V V R

 P K L I A H G Y F D L E D E P I D L
 R S * F P T G M S T S S T R R S T W
 A A E S H R A W L L R A R G G P H G

 CCG CCG AAG TCT TAC CGC ACG GGT ATC TTC AGC TCG AGC AGG AGG CCC TAC AGG
 40455 40464 40473 40482 40491 40500
 GGC GGC TTC AGA ATG GCG TGC CCA TAG AAG TCG AGC TCG TCC TCC GGG ATG TCC

 G G F R M A C P * K S S S S S G M S
 A A S E W R A H R S R A R P P G C P
 R L Q N G V P I E V E L V L R D V Q

 L Q A A I A R C R Q F H A S E V L E
 C S R P S R G A G S S I R V R S W S

A A A R R D G P V A P F A C E R G A
TCG TCG ACG CGC CGC TAG CGG GCC GTG GCG ACC TTT ACG CGT GAG AGC TGG TCG
40509 40518 40527 40536 40545 40554
AGC AGC TGC GCG GCG ATC GCC CGG CAC CGC TGG AAA TGC GCA CTC TCG ACC AGC
S S C A A I A R H R W K C A L S T S
A A A R R S P G T A G N A H S R P A
Q L R G D R P A P L E M R T L D Q L
P V F K E P R V I Q P L R A P R D S
P S S N R R A C S R R Y G P R G T P
R P R I E G P A R D A T A P G A Q R
AGC CCC TGC TTA AAG AGG CCC GCG TGC TAG ACG CCA TCG GCC CGG CCG GAC AGC
40563 40572 40581 40590 40599 40608
TCG GGG ACG AAT TTC TCC GGG CGC ACG ATC TGC GGT AGC CGG GCC GGC CTG TCG
S G T N F S G R T I C G S R A G L S
R G R I S P G A R S A V A G P A C R
G D E F L R A H D L R * P G R P V G
D Q R G A I D F Y D G T T F D A H E
I R A A P S T S T T A R L S T P T S
F G P P R R H R L L R G Y H L R R A
CTT AGG ACC GCC GGC CGC TAC AGC TTC ATC AGC GGG CAT CAC TTC AGC CGC ACG
40617 40626 40635 40644 40653 40662
GAA TCC TGG CGG CCG GCG ATG TCG AAG TAG TCG CCC GTA GTG AAG TCG GCG TGC
E S W R P A M S K * S P V V K S A C
N P G G R R C R S S R P * * S R R A
I L A A G D V E V V A R S E V G V L
S F L R D Y V G R L W E L E T D D V
P S C A I T S V A C G S W S R T T W
R L V P S R L C R A A V G A G H R G
AGC CTC TTG TCC GCT AGC ATC TGT GGC GCG TCG GTG AGG TCG AGG CAC AGC AGG
40671 40680 40689 40698 40707 40716
TCG GAG AAC AGG CGA TCG TAG ACA CCG CGC AGC CAC TCC AGC TCC GTG TCG TCC
S E N R R S * T P R S H S S S V S S
R R T G D R R H R A A T P A P C R P
G E Q A I V D T A Q P L Q L R V V H
L R P L S A F G D A Q F A A R H E E
S G R C R H S D T P R S P Q A T S R
R A A A A I R I R R G P L S R P A G
TGC TCG GCG CCG TCG CTA CGC TTA GGC AGC CGG ACC TTC CGA CGC GCC ACG AGG
40725 40734 40743 40752 40761 40770
ACG AGC CGC GGC AGC GAT GCG AAT CCG TCG GCC TGG AAG GCT GCG CGG TGC TCC
T S R G S D A N P S A W K A A R C S
R A A A A M R I R R P G R L R G A P
E P R Q R C E S V G L E G C A V L L

02

D I V T E V A G M R R S R E D P ^(M) Q
 T S * L K W P G W V A A G K T L C K
 R R D C N G R G G Y P P E K R * A N

AGC AGC TAG TGT CAA AGG TGC CGG GGG TAT GCC GCC GAG GAA AGC AGT CCG TAA
 40779 40788 40797 40806 40815 40824
 TCG TCG ATC ACA GTT TCC ACG GCC CCC ATA CGG CGG CTC CTT TCG TCA GGC ATT

S S I T V S T A P I R R L L S S G I
 R R S Q F P R P P Y G G S F R Q A F
 V D H S F H G P H T A A P F V R H L

P S R Y T G G R F I A D A K A P S Y
 L H V I R E E G S Y P M P K L R L I
 S T F S V N R G P I H C R S * G S F

ACT CCA CTT GCT ATG CAA GGA GGG GCC TTA TAC CGT AGC CGA AAT CGG CCT CTT
 40833 40842 40851 40860 40869 40878
 TGA GGT GAA CGA TAC GTT CCT CCC CGG AAT ATG GCA TCG GCT TTA GCC GGA GAA

* G E R Y V P P R N M A S A L A G E
 E V N D T F L P G I W H R L * P E N
 R * T I R S S P E Y G I G F S R R I

H I S * V R A P L P S D M A T P R R
 T F Q S S E Q R Y R H I W P R R A A
 L S N V L S K G T A T F G H G D P P

ATC ACT TAA CTG ATC TGA GAA CGG CCA TCG CCA CTT AGG TAC CGG CAG CCC GCC
 40887 40896 40905 40914 40923 40932
 TAG TGA ATT GAC TAG ACT CTT GCC GGT AGC GGT GAA TCC ATG GCC GTC GGG CGG

* * I D * T L A G S G E S M A V G R
 S E L T R L L P V A V N P W P S G G
 V N * L D S C R * R * I H G R R A A

E W Q H A H L V R P A V Y T F Y P L
 S G N I R T Y Y E R R S T H L I R S
 A G M S A R T I S E A R R I Y F V P

GCG AGG GTA ACT ACG CGC ACA TTA TGA GAG CCG CGC TGC ATA CAT TTT ATG CCC
 40941 40950 40959 40968 40977 40986
 CGC TCC CAT TGA TGC GCG TGT AAT ACT CTC GGC GCG ACG TAT GTA AAA TAC GGG

R S H * C A C N T L G A T Y V K Y G
 A P I D A R V I L S A R R M * N T G
 L P L M R V * Y S R R D V C K I R E

P N S H S S V T R N R Q I D S A D D
 R T A I V P C L A I A N S T P P T M
 A P Q * S Q V C H S Q T P H R L R *

TCG CCC AAC GAT ACT GAC CTG TGT CAC GCT AAC GCA ACC TAC AGC CTC CGC AGT
 40995 41004 41013 41022 41031 41040
 AGC GGG TTG CTA TGA CTG GAC ACA GTG CGA TTG CGT TGG ATG TCG GAG GCG TCA

S G L L * L D T V R L R W M S E A S
 A G C Y D W T Q C D C V G C R R R H
 R V A (M) T G H S A I A L D V G G V I
 V V V L R E F Q S P K L P G E V K R
 * * S S G K S S A Q S * P V K S R A
 R S R R A K R V P K A E P S R R G Q

 AGA TGA TGC TGC TCG GAA AGC TTG ACC GAA CCG AAG TCC CCT GGA AGC TGG AAC
 41049 41058 41067 41076 41085 41094
 TCT ACT ACG ACG AGC CTT TCG AAC TGG CTT GGC TTC AGG GGA CCT TCG ACC TTG

 S T T T S L S N W L G F R G P S T L
 L L R R A F R T G L A S G D L R P C
 Y Y D E P F E L A W L Q G T F D L A

 D G S I R T N G E A I E D L V G L T
 T V A S G L T V R R S K M S S V S R
 P * R Q D S H * G G R N * R P C R A

 GCC AGT GGC GAC TAG GCT CAC AAT GGG AGG CGC TAA AGT AGC TCC TGT GGC TCG
 41103 41112 41121 41130 41139 41148
 CGG TCA CCG CTG ATC CGA GTG TTA CCC TCC GCG ATT TCA TCG AGG ACA CCG AGC

 R S P L I R V L P S A I S S R T P S
 G H R * S E C Y P P R F H R G H R A
 V T A D P S V T L R D F I E D T E R

 E I Q V P F R R R L S R A N E R R C
 K * R S P F V G A S R G P M R E E A
 N R D P R S F A P P A V P C E R K P

 CAA AGA TAG ACC TGC CCT TTT GCG GCC GCC TCG CTG GCC CGT AAG AGA GAA GCC
 41157 41166 41175 41184 41193 41202
 GTT TCT ATC TGG ACG GGA AAA CGC CGG CGG AGC GAC CGG GCA TTC TCT CTT CGG

 V S I W T G K R R R S D R A F S L R
 F L S G R E N A G G A T G H S L F G
 F Y L D G K T P A E R P G I L S S A

 R G V L A P D P N S P G P P F Q G L
 A A S S L Q T R T R R A Q R S S A W
 L P R R S S P G P E V P R A P V P G

 GTC GCC GGC TGC TCT CGA CCC AGG CCC AAG CTG CCC GGA CCG CCC TTG ACC GGG
 41211 41220 41229 41238 41247 41256
 CAG CGG CCG ACG AGA GCT GGG TCC GGG TTC GAC GGG CCT GGC GGG AAC TGG CCC

 Q R P T R A G S G F D G P G G N W P
 S G R R E L G P G S T G L A G T G P
 A A D E S W V R V R R A W R E L A Q

 L N R T R N R R D R G E G A F H R R
 S I G P E I A A T V A R A R S I G V
 P S E Q N S Q P P * P G R G R F A S

 TCC TCT AAG GAC CAA GCT AAC GCC GCC AGT GCC GGG AGC GGG CGC TTT ACG GCT

PA

41265 41274 41283 41292 41301 41310
 AGG AGA TTC CTG GTT CGA TTG CGG CGG TCA CGG CCC TCG CCC GCG AAA TGC CGA

 R R F L V R L R R S R P S P A K C R
 G D S W F D C G G H G P R P R N A D
 E I P G S I A A V T A L A R E M P T

 R H D R I L R G L A G V Y E R F P P
 V T T A F * G G S H A S T S A S H P
 S P P R S D A A R T R R R V R P I P

 GCT GCC ACC AGC GCT TAG TCG GCG GGC TCA CGC GGC TGC ATG AGC GCC TTA CCC
 41319 41328 41337 41346 41355 41364
 CGA CGG TGG TCG CGA ATC AGC CGC CCG AGT GCG CCG ACG TAC TCG CGG AAT GGG

 R R W S R I S R P S A P T Y S R N G
 D G G R E S A A R V R R R T R G M G
 T V V A N Q P P E C A D V L A E W G

 Q G G D Q L R H D E V A E F P D G L
 S V A T R S V T T R S Q K S P T A L
 A S R R G P S P P G R S S R L P R W

 CCG ACT GGC GGC AGG ACC TCT GCC ACC AGG AGC TGA CGA AGC TTC CCC AGC GGT
 41373 41382 41391 41400 41409 41418
 GGC TGA CCG CCG TCC TGG AGA CGG TGG TCC TCG ACT GCT TCG AAG GGG TCG CCA

 G * P P S W R R W S S T A S K G S P
 A D R R P G D G G P R L L R R G R Q
 L T A V L E T V V L D C F E G V A K

 G I G P Q Q A D G Q G P E A P G G A
 G S G R S S P M A R A R S P R G G P
 A R D G A A P C R G P G A R G A G R

 TCG GGC TAG GGG CCG ACC CGT AGC GGG ACC GGG CCG AGC CGG CCG GGG GGC
 41427 41436 41445 41454 41463 41472
 AGC CCG ATC CCC GGC TGC TGG GCA TCG CCC TGG CCC GGC TCG GCC GGC CCC CCG

 S P I P G C W A S P W P G S A G P P
 A R S P A A G H R P G P A R P A P R
 P D P R L L G I A L A R L G R P P G

 L Q Q H H A V A D V V V H C G G T G
 S S S T T P L R T S W S T A G A R E
 R A A P P P C G R R G R R P V R G N

 CGC TCG ACG ACC ACC ACC CGT TGG CGC AGC TGG TGC TGC ACC GTG GGC GGG CAA
 41481 41490 41499 41508 41517 41526
 GCG AGC TGC TGG TGG TGG GCA ACC GCG TCG ACC ACG ACG TGG CAC CCG CCC GTT

 A S C W W W A T A S T T T W H P P V
 R A A G G G Q P R R P R R G T R P F
 E L L V V G N R V D H D V A P A R S

 Q A A R R H E Y Q R L V A V A P W R
 R P Q G A T N T S G S S P * R L G G

G P S G P P T R V A P P R S G C A V
 GGG ACC CGA CGG GCC GCC ACA AGC ATG ACG GCC TCC TGC CGA TGG CGT CCG GTG
 41535 41544 41553 41562 41571 41580
 CCC TGG GCT GCC CGG CGG TGT TCG TAC TGC CGG AGG ACG GCT ACC GCA GGC CAC
 P W A A R R C S Y C R R T A T A G H
 P G L P G G V R T A G G R L P Q A T
 L G C P A V F V L P E D G Y R R P P
 A D M R V E G P G V A G Q A R D T G
 P T W G S R V R A * R A R R A T R V
 P R G D P G * G P R G R G A R P G Y
 GCC CGC AGG TAG GCC TGG AGT GGG CCC GGA TGG CGC GGG ACG CGC GCC AGG CAT
 41589 41598 41607 41616 41625 41634
 CGG GCG TCC ATC CGG ACC TCA CCC GGG CCT ACC GCG CCC TGC GCG CGG TCC GTA
 R A S I R T S P G P T A P C A R S V
 G R P S G P H P G L P R P A R G P Y
 G V H P D L T R A Y R A L R A V R T
 H R R P V V H R P D G G E G V Q G R
 T G G P S S T G R T A E R A S R A A
 R A E P P R R A A P R R G R R G P R
 GGC ACG GAG GCC CCC TGC TGC ACG GCG CCC AGC GGA GGG AGC GGC TGG ACC GGC
 41643 41652 41661 41670 41679 41688
 CCG TGC CTC CGG GGG ACG ACG TGC CGC GGG TCG CCT CCC TCG CCG ACC TGG CCG
 P C L R G T T C R G S P P S P T W P
 R A S G G R R A A G R L P R R P G R
 V P P G D D V P R V A S L A D L A A
 R G Q R A E T R Q S W P P G A A R P
 D G R A R R P A S H G R R V Q Q G P
 T A G P A G R H A T V V A S R S G P
 GCA GCG GGG ACC GCG CGG AGC CAC GCG ACA CTG GTG CCG CCT GGA CGA CGG GCC
 41697 41706 41715 41724 41733 41742
 CGT CGC CCC TGG CGC GCC TCG GTG CGC TGT GAC CAC GGC GGA CCT GCT GCC CGG
 R R P W R A S V R C D H G G P A A R
 V A P G A P R C A (V) T T A D L L P G
 S P L A R L G A L * P R R T C C P G
 G Y P P S R P S P N * R I G A S P W
 V T R R H D P R R T E D S G P Q R G
 S R V A T I P A V P K M P D R S V A
 CCT GGC ATG CCG CCA CTA GCC CCG CTG CCC AAA GTA GCC TAG GGC CGA CTG CCG
 41751 41760 41769 41778 41787 41796
 GGA CCG TAC GGC GGT GAT CGG GGC GAC GGG TTT CAT CGG ATC CCG GCT GAC GGC
 G P Y G G D R G D G F H R I P A D G
 D R T A V I G A T G F I G S R L T A
 T V R R * S G R R V S S D P G * R P

Q3

A * R Q R G A R A P R R * G P T G A
 P E G S V A R A R R G G E V P R E R
 L S V A S P G R A G A A K L R A N G

 GTC CGA GTG GCG ACT GCC GGG CGC GCG CGG CCG GCG GAA GTT GGC CCG CAA GGG
 41805 41814 41823 41832 41841 41850
 CAG GCT CAC CGC TGA CGG CCC GCG CGC GCC GGC CGC CTT CAA CCG GGC GTT CCC

 Q A H R * R P A R A G R L Q P G V P
 R L T A D G P R A P A A F N R A F P
 G S P L T A R A R R P P S T G R S R

 P P R R G P R G P V P P P R C R R S
 R H D A A P G G R S Q R L G V D D V
 G T T P P R A A G P S A S A S M T *

 CGG CCA CCA GCC GCC GGC CCG GCG GGG CCC TGA CCG CCT CCG GCT GTA GCA GAT
 41859 41868 41877 41886 41895 41904
 GCC GGT GGT CGG CGG CCG GGC CGC CCC GGG ACT GGC GGA GGC CGA CAT CGT CTA

 A G G R R P G R P G T G G G R H R L
 P V V G G R A A P G L A E A D I V Y
 R W S A A G P P R D W R R P T S S T

 G P R R G * D P G R R V D A R G P R
 E Q G G A E T R D E G F T P G V Q D
 K R A A P R L G T R A S R R G S R T

 GAA GGA CCG GCG GCC GGA GTC AGG CCA GGA GCG GCT TGC AGC CGG GCT GGA CCA
 41913 41922 41931 41940 41949 41958
 CTT CCT GGC CGC CGG CCT CAG TCC GGT CCT CGC CGA ACG TCG GCC CGA CCT GGT

 L P G R R P Q S G P R R T S A R P G
 F L A A G L S P V L A E R R P D L V
 S W P P A S V R S S P N V G P T W S

 P R V G V A P R P A P P A T W L P V
 L G F A S Q Q D L H Q L R Q G S R S
 S A S R R S S T S T S S A S D L A P

 GCT CCG GCT TGC GGC TGA CGA CCA GCT CCA CGA CCT CCG CGA CAG GTC TCG CCC
 41967 41976 41985 41994 42003 42012
 CGA GGC CGA ACG CCG ACT GCT GGT CGA GGT GCT GGA GGC GCT GTC CAG AGC GGG

 R G R T P T A G R G A G G A V Q S G
 E A E R R L L V E V L E A L S R A G
 R P N A D C W S R C W R R C P E R D

 G G P T R V P W S P R P P R R A R P
 V A R H E Y Q G A R A P R D V R G L
 C R G T N T S A L E P P A T * A G S

 TGT GGC GGG CCA CAA GCA TGA CCG GTC GAG CCC GCC CCG CCA GAT GCG CGG GCT
 42021 42030 42039 42048 42057 42066
 ACA CCG CCC GGT GTT CGT ACT GGC CAG CTC GGG CGG GGC GGT CTA CGC GCC CGA

T P P G V R T G Q L G R G G L R A R
 H R P V F V L A S S G G A V Y A P E
 T A R C S Y W P A R A G R S T R P R

 R V A T G P S W G S G A R S R R R A
 D F R R V P L G A R G P G V G D V P
 T S G G Y R S V L G V R G S E T * P

 CCA GCT TGG CGG CAT GGC CCT CTG GTC GGG CTG GGC CGG GCT GAG GCA GAT GCC
 42075 42084 42093 42102 42111 42120
 GGT CGA ACC GCC GTA CCG GGA GAC CAG CCC GAC CCG GCC CGA CTC CGT CTA CGG

 G R T A V P G D Q P D P A R L R L R
 V E P P Y R E T S P T R P D S V Y G
 S N R R T G R P A R P G P T P S T G

 R W A G G R V R A T G A S P H R G H
 V G L E A E F A L Q A P V R I G D T
 C A L S R R S R S S H R C E S A T R

 CGT GCG GTT CGA GGC GGA GCT TGC GCT CGA CAC GGC CGT GAG CCT ACG GCA GGC
 42129 42138 42147 42156 42165 42174
 GCA CGC CAA GCT CCG CCT CGA ACG CGA GCT GTG CCG GCA CTC GGA TGC CGT CCG

 A R Q A P P R T R A V P A L G C R P
 H A K L R L E R E L C R H S D A V R
 T P S S A S N A S C A G T R M P S V

 R P R A T S C H R R D R G A R G A R
 G H D R P Q A I D V T G A L A G Q A
 A T T A R N L L T * P G P W R A R R

 ACG GCA CCA GCG CGC CAA CTC GTT ACA GAT GCC AGG GCC GGT CGC GCG GGA CGC
 42183 42192 42201 42210 42219 42228
 TGC CGT GGT CGC GCG GTT GAG CAA TGT CTA CGG TCC CGG CCA GCG CGC CCT GCG

 C R G R A V E Q C L R S R P A R P A
 A V V A R L S N V Y G P G Q R A L R
 P W S R G * A M S T V P A S A P C A

 T R H A A A S A S P P R G P R A R A
 P E T H Q R V P Q R R G G P A L G H
 P N P T S G C Q S V A A A R P S G T

 GCC CAA GCC ACA CGA CGG CGT GAC CGA CTG CCG CCG GCG GGC CCC GCT CGG GCA
 42237 42246 42255 42264 42273 42282
 CGG GTT CGG TGT GCT GCC GCA CTG GCT GAC GGC GGC CGC CCG GGG CGA GCC CGT

 R V R C A A A L A D G G R P G R A R
 G F G V L P H W L T A A A R G E P V
 G S V C C R T G * R R P P G A S P C

 P T R R D A H P G P S H G R R R R *
 P H E A I R M H D P V I D V D V V D
 R T N P S G C T T R S * T W T S S T

 CGC CCA CAA GCC GCT AGG CGT ACA CCA GGC CCT GAT ACA GGT GCA GCT GCT GCA

42291 42300 42309 42318 42327 42336
 GCG GGT GTT CGG CGA TCC GCA TGT GGT CCG GGA CTA TGT CCA CGT CGA CGA CGT

 A G V R R S A C G P G L C P R R R R
 R V F G D P H V V R D Y V H V D D V
 G C S A I R M W S G T M S T S T T S

 G T G A R A A R G P R R R G A A R R
 G P E Q E R Q A A P D A A A P Q G G
 V R N R S A S R P R T P P P R S G A

 GTG GGC CAA GGA CGA GCG CGA CGC GCC GGC CCA GCC GCC GCC GGC CGA CGG GCG
 42345 42354 42363 42372 42381 42390
 CAC CCG GTT CCT GCT CGC GCT GCG CGG CCG GGT CGG CGG CGG CCG GCT GCC CGC

 H P V P A R A A R P G R R R P A A R
 T R F L L A L R G R V G G G R L P A
 P G S C S R C A A G S A A A G C P P

 P S R R S P R A W K A S R G A P S R
 H H V D A R A H G S R Q A A Q Q L D
 T T F T P E P T G V E S L P R S S I

 CCA CCA CTT GCA GCC GAG CCC GCA CGG GTG AAG CGA CTC GCC GGA CGA CCT CTA
 42399 42408 42417 42426 42435 42444
 CGT GGT GAA CGT CGG CTC GGG CGT GCC CAC TTC GCT GAG CGG CCT GCT GGA GAT

 R G E R R L G R A H F A E R P A G D
 V V N V G S G V P T S L S G L L E I
 W * T S A R A C P L R * A A C W R S

 T R H S R R S R R P A S P A P V T R
 H G T H G A A G D R H A P L P S P G
 T D P T V P P E T A T R Q S R P R D

 GCA CAG GCC ACA CTG GCC GCC GAG GCA GCG CCA CGC GAC CCT CGC CCC TGC CAG
 42453 42462 42471 42480 42489 42498
 CGT GTC CGG TGT GAC CGG CGG CTC CGT CGC GGT GCG CTG GGA GCG GGG ACG GTC

 R V R C D R R L R R G A L G A G T V
 V S G V T G G S V A V R W E R G R S
 C P V * P A A P S R C A G S G D G P

 R G A P C S A P H R V P G R R V R S
 E V P L A V P Q I D C P G A G F E V
 K S R C P L Q S S T A R A R A S S S

 GAA GCT GGC CGT CCC GTT GAC CGA CCT ACA GCG TGC CCG GGC GCG GCT TGA GCT
 42507 42516 42525 42534 42543 42552
 CTT CGA CCG GCA GGG CAA CTG GCT GGA TGT CGC ACG GGC CCG CGC CGA ACT CGA

 L R P A G Q L A G C R T G P R R T R
 F D R Q G N W L D V A R A R A E L D
 S T G R A T G W M S H G P A P N S T

 A P R W G G S R P H G A T S P A H A
 P P G G D G Q G L T D P L A P L T H

Q R A A M G R V S P T R C H Q S R T
 GAC CGC CCG GCG GTA GGG GGA CTG GCT CCC ACA GGC CGT CAC GAC CCT CGC ACA
 42561 42570 42579 42588 42597 42606
 CTG GCG GGC CGC CAT CCC CCT GAC CGA GGG TGT CCG GCA GTG CTG GGA GCG TGT
 L A G R H P P D R G C P A V L G A C
 W R A A I P L T E G V R Q C W E R V
 G G P P S P * P R V S G S A G S V C
 G R R R G P G K R R S A S S P * V R
 E V V G A P G R G G R R A L R D S A
 S W S A P R A G E A E V R * V T L R
 CGA GGT GCT GCG GCC GGC CCG GGG AAG GCG GAG CTG CGC GAT CTG CCA GTC TGC
 42615 42624 42633 42642 42651 42660
 GCT CCA CGA CGC CGG CCG GGC CCC TTC CGC CTC GAC GCG CTA GAC GGT CAG ACG
 A P R R R P G P F R L D A L D G Q T
 L H D A G R A P S A S T R * T V R R
 S T T P A G P L P P R R A R R S D A
 * V T L R T L R M R P R L S A P S W
 N S P * V R * V C G R V S R H R A G
 T L R D S A D S A D A S P A I G P E
 GCA ATC TGC CAG TCT GCG CAG TCT GCG TAG GCG CCT GCC TCG CTA CGG CCC GAG
 42669 42678 42687 42696 42705 42714
 CGT TAG ACG GTC AGA CGC GTC AGA CGC ATC CGC GGA CGG AGC GAT GCC GGG CTC
 R * T V R R V R R I R G R S D A G L
 V R R S D A S D A S A D G A M P G S
 L D G Q T R Q T H P R T E R C R A P
 G R V W R T T F G P M L A T I L A Q
 G E Y G G L P S A R C * R Q S * P R
 V R T G V S H H L G A D V S H D P G
 GTG GGA GCA TGG GTG GCT CAC CAC TTC GGG CCG TAG TTG CGA CAC TAG TCC CGG
 42723 42732 42741 42750 42759 42768
 CAC CCT CGT ACC CAC CGA GTG GTG AAG CCC GGC ATC AAC GCT GTG ATC AGG GCC
 H P R T H R V V K P G I N A V I R A
 T L V P T E W * S P A S T L * S G P
 P S Y P P S G E A R H Q R C D Q G L
 V P R N G A D P Q D G P L S G H R P
 S R G I G L T P S T V L Y L G T A P
 P G A S E W R R A P * W T S V R P P
 ACC TGG CCG GCT AAG GGT CGC AGC CCG ACC AGT GGT CCA TCT CTG GGC ACC GCC
 42777 42786 42795 42804 42813 42822
 TGG ACC GGC CGA TTC CCA GCG TCG GGC TGG TCA CCA GGT AGA GAC CCG TGG CGG
 W T G R F P A S G W S P G R D P W R
 G P A D S Q R R A G H Q V E T R G G
 D R P I P S V G L V T R * R P V A G

R L P R P R G D Q R S G R Q G T R R
 D Y L D H A D M K G P A E S V P A A
 T T S T T P T W R A P L R A S R H P

 CCA GCA TCT CCA GCA CCC GCA GGT AGA ACG GCC CTC GGA GCG ACT GGC CAC GCC
 42831 42840 42849 42858 42867 42876
 GGT CGT AGA GGT CGT GGG CGT CCA TCT TGC CGG GAG CCT CGC TGA CCG GTG CGG

 G R R G R G R P S C R E P R * P V R
 V V E V V G V H L A G S L A D R C G
 S * R S W A S I L P G A S L T G A A

 A D R G G G D F P R E R G G R A V P
 P M G A A A M L R A N E A A A L L Q
 P C G P R R W * V P T R P R R S C S

 GCC CGT AGG GCC GGC GGC GGT AGT TTG CCC GCA AGA GCC GGC GGC GCT CGT TGA
 42885 42894 42903 42912 42921 42930
 CGG GCA TCC CGG CCG CCG CCA TCA AAC GGG CGT TCT CGG CCG CCG CGA GCA ACT

 R A S R P P P S N G R S R P P R A T
 G H P G R R H Q T G V L G R R E Q L
 G I P A A A I K R A F S A A A S N W

 P R L Q G G A P R R G P R A G A P R
 R V S N D E P L A D A Q A H A Q Q A
 A S P T T R R C P T P R P T R R S P

 CCG CCT GCC TCA ACA GGA GGC CGT CCC GCA GCC GGA CCC GCA CGC GGA CGA CCC
 42939 42948 42957 42966 42975 42984
 GGC GGA CGG AGT TGT CCT CCG GCA GGG CGT CGG CCT GGG CGT GCG CCT GCT GGG

 G G R S C P P A G R R P G R A P A G
 A D G V V L R Q G V G L G V R L L G
 R T E L S S G R A S A W A C A C W A

 P G R A H R H R R R P H R G T G R G
 R D E H T G T V A D H I D A L G A V
 A T R T R A P S P T T S T P W D R S

 GCG CCA GGA GCA CGC ACG GCC ACT GCC GCA GCA CCT ACA GCC GGT CAG GGC GCT
 42993 43002 43011 43020 43029 43038
 CGC GGT CCT CGT GCG TGC CGG TGA CGG CGT CGT GGA TGT CGG CCA GTC CCG CGA

 R G P R A C R * R R R G C R P V P R
 A V L V R A G D G V V D V G Q S R D
 R S S C V P V T A S W M S A S P A T

 T R R L G G R R R G A R V R G H R A
 L E A F A V A G D V Q E Y E A T A R
 W N P S P W R A T S R S T S P R P A

 GGT CAA GCC GCT TCC GGT GGC GCG GCA GCT GGA CGA GCA TGA GCC GGC ACC GCG
 43047 43056 43065 43074 43083 43092
 CCA GTT CGG CGA AGG CCA CCG CGC CGT CGA CCT GCT CGT ACT CGG CCG TGG CGC

P V R R R P P R R R P A R T R P W R
 Q F G E G H R A V D L L V L G R G A
 S S A K A T A P S T C S Y S A V A R
 G P D D R R G A R L L R G Q R G T A
 E P T M A D A L E F Y A A K G A Q Q
 S R P * R T P W S S T P P R A P R N

 CGA GGC CCC AGT AGC GCA GCC GGT CGA GCT TCA TCC GCC GGA ACG GCC GGA CAA
 43101 43110 43119 43128 43137 43146
 GCT CCG GGG TCA TCG CGT CGG CCA GCT CGA AGT AGG CGG CCT TGC CGG CCT GTT

 A P G S S R R P A R S R R P C R P V
 L R G H R V G Q L E V G G L A G L L
 S G V I A S A S S K * A A L P A C C
 P V R R V G P H V A A P L R Q P L A
 Q Y V G S V L T F L R Q Y A N R Y L
 S T C A P C W P S C G S T P T A T S

 CGA CCA TGT GCG GCC TGT GGT CCC ACT TGT CGG CGA CCA TCC GCA ACG CCA TCT
 43155 43164 43173 43182 43191 43200
 GCT GGT ACA CGC CGG ACA CCA GGG TGA ACA GCC GCT GGT AGG CGT TGC GGT AGA

 A G T R R T P G * T A A G R R C G R
 L V H A G H Q G E Q P L V G V A V E
 W Y T P D T R V N S R W * A L R * S
 V R L V G R G G G G H R G Q E G H R
 S E Y F A G A E E E T V D K N V T A
 R S T S R G P R R R R S T R T * R P

 CGC TGA GCA TCT TGC GGG GCC GGA GGA GGA GGC ACT GCA GGA ACA AGT GGC ACC
 43209 43218 43227 43236 43245 43254
 GCG ACT CGT AGA ACG CCC CGG CCT CCT CCT CCG TGA CGT CCT TGT TCA CCG TGG

 A T R R T P R P P P P * R P C S P W
 R L V E R P G L L L R D V L V H R G
 D S * N A P A S S S V T S L F T V A
 A R V D R G A H R Q L A G P P R R H
 L V S T A A L M G S Y L A L H V G T
 S C P R R P W C A A T S R W T S A P

 GCT CGT GCC TGC AGC GCC GGT CGT ACG GCG ACA TCT CGC GGT CCA CCT GCG GCC
 43263 43272 43281 43290 43299 43308
 CGA GCA CGG ACG TCG CGG CCA GCA TGC CGC TGT AGA GCG CCA GGT GGA CGC CGG

 R A R T S R P A C R C R A P G G R R
 E H G R R G Q H A A V E R Q V D A G
 S T D V A A S M P L * S A R W T P V
 V A A P R P L L R R R R R P L L R P
 S L L P D L F C A A D G A L Y Y G P
 P C C R T S S A P P T A P S T T A P

 ACC TGT CGT CGC CCA GCT CCT TCG TCC GCC GCA GCG GCC GCT CCA TCA TCG GCC

43317 43326 43335 43344 43353 43362
 TGG ACA GCA GCG GGT CGA GGA AGC AGG CGG CGT CGC CGG CGA GGT AGT AGC CGG

 W T A A G R G S R R R R R R G S S R
 G Q Q R V E E A G G V A G E V V A G
 D S S G S R K Q A A S P A R * * P G

 R P L Q R R R L L L G A G G T R G A
 G H F S D A V Y S F D Q E V R V G P
 A T S A T P S T P S T R S W G Y A R

 CCG GCA CCT TCG ACA GCC GCT GCA TCC TCT TCA GGA CGA GGT GGG CAT GCG GGC
 43371 43380 43389 43398 43407 43416
 GGC CGT GGA AGC TGT CGG CGA CGT AGG AGA AGT CCT GCT CCA CCC GTA CGC CCG

 G R G S C R R R R R S P A P P V R P
 A V E A V G D V G E V L L H P Y A R
 P W K L S A T * E K S C S T R T P G

 P L R R E G H P R A R D P I G R G A
 Q Y V G N A M L D R V T P S E E V L
 S T S A T R W S T A C P R P N R S W

 CGA CCA TCT GCG GCA AGC GGT ACT CCA GCG CGT GCC AGC CCC TAA GGA GCT GGT
 43425 43434 43443 43452 43461 43470
 GCT GGT AGA CGC CGT TCG CCA TGA GGT CGC GCA CGG TCG GGG ATT CCT CGA CCA

 A G R R R S P * G R A R S G I P R P
 L V D A V R H E V A H G R G F L D Q
 W * T P F A M R S R T V G D S S T S

 L G A D G G P R R T G P P A G P V P
 S A L M A E L D A H E R R R E L F R
 R P W C R R W T P T N G A A S W S G

 CGC TCC GGT CGT AGC GGA GGT CCA GCC GCA CAA GGG CCG CCG CGA GGT CCT TGG
 43479 43488 43497 43506 43515 43524
 GCG AGG CCA GCA TCG CCT CCA GGT CGG CGT GTT CCC GGC GGC GCT CCA GGA ACC

 A R P A S P P G R R V P G G A P G T
 R G Q H R L Q V G V F P A A L Q E P
 E A S I A S R S A C S R R R S R N R

 G P P L R F R R Q V P G R A A P D G
 D Q H C V F G V S Y R D G R L P I V
 T R T A S S V S A T G T G A C R S *

 CCA GGA CCA CCG TCT GCT TTG GCT GCG ACA TGG CCA GGG GCG CGT CGC CCT AGT
 43533 43542 43551 43560 43569 43578
 GGT CCT GGT GGC AGA CGA AAC CGA CGC TGT ACC GGT CCC CGC GCA GCG GGA TCA

 G P G G R R N R R C T G P R A A G S
 V L V A D E T D A V P V P A Q R D H
 S W W Q T K P T L Y R S P R S G I T

 L V L R G P R Q H R Q H G R H A F Q
 W Y W G D P A S I V N I G G T P S S

G T G A T R P A S S T S A G Q P R V

 GGG TCA TGG TCG GCA GGC CCC GCG ACT ACT GCA ACT ACG GGG GAC ACC CGC TTG
 43587 43596 43605 43614 43623 43632
 CCC AGT ACC AGC CGT CCG GGG CGC TGA TGA CGT TGA TGC CCC CTG TGG GCG AAC

 P S T S R P G R * * R * C P L W A N
 P V P A V R G A D D V D A P C G R T
 Q Y Q P S G A L M T L M P P V G E L

 A A A L R G A L L G L D R R Q P L D
 P L L S G G Q W Y G W I A V N R F I
 P C C R A A R G T A G S R S T A S S

 ACC CGT CGT CGC TCG GCG GGA CGG TCA TCG GGG TCT AGC GCT GCA ACG CCT TCT
 43641 43650 43659 43668 43677 43686
 TGG GCA GCA GCG AGC CGC CCT GCC AGT AGC CCC AGA TCG CGA CGT TGC GGA AGA

 W A A A S R P A S S P R S R R C G R
 G Q Q R A A L P V A P D R D V A E D
 G S S E P P C Q * P Q I A T L R K I

 R A P P P E E P A Q L H R R G P G L
 E H P R R N K L H K S I V G A R G S
 R T R A A T R * T S P S S A P G A R

 AGA GCA CGC CCG CCG CCA AGA AGT CCA CGA ACC TCT ACT GCG GCC GGG CCG GGC
 43695 43704 43713 43722 43731 43740
 TCT CGT GCG GGC GGC GGT TCT TCA GGT GCT TGG AGA TGA CGC CGG CCC GGC CCG

 S R A G G G S S G A W R * R R P G P
 L V R A A V L Q V L G D D A G P A R
 S C G R R F F R C L E M T P A R P E

 R R H R L R V G R Q G A * R H R P G
 A D I V Y D F E E S V L E G T D P D
 P T S S T T S S R A S W S V P T P T

 TCC GCA GCT ACT GCA TCA GCT TGA GGA GCG ACT GGT CGA GTG GCC ACA GCC CCA
 43749 43758 43767 43776 43785 43794
 AGG CGT CGA TGA CGT AGT CGA ACT CCT CGC TGA CCA GCT CAC CGG TGT CGG GGT

 R R R * R S R T P R * P A H R C R G
 G V D D V V E L L A D Q L T G V G V
 A S M T * S N S S L T S S P V S G S

 A V G G W G R P R R R V A R A Q G H
 L W E A G A A R D G D F L V R K V T
 W G S R G L R A T A T S C C A S S R

 GGT CGG TGA GGC GGG GTC GGC GCG CCA GCG GCA GCT TGT CGT GCG CGA ACT GGC
 43803 43812 43821 43830 43839 43848
 CCA GCC ACT CCG CCC CAG CCG CGC GGT CGC CGT CGA ACA GCA CGC GCT TGA CCG

 P A T P P Q P R G R R R T A R A * P
 Q P L R P S R A V A V E Q H A L D R
 S H S A P A A R S P S N S T R L T V

R G R H R R R G A Q G R E E P A R P
 V G E T V D A G Q K V A N K L L V H
 S A R P S T P A R S S R T R * S C T

 ACT GCG GGA GCC ACT GCA GCC GCG GGA CGA ACT GGC GCA AGA AGT CCT CGT GCA
 43857 43866 43875 43884 43893 43902
 TGA CGC CCT CGG TGA CGT CGG CGC CCT GCT TGA CCG CGT TCT TCA GGA GCA CGT

 * R P R * R R R P A * P R S S G A R
 D A L G D V G A L L D R V L Q E H V
 T P S V T S A P C L T A F F R S T W

 R L R R P R G A L L P R R S R L D E
 D F D D R D V Q W S R V D P G F I K
 T S T T A T S R G P A S T P V S S R

 CCA GCT TCA GCA GCG CCA GCT GGA CGG TCC TCG CCT GCA GCC CTG GCT TCT AGA
 43911 43920 43929 43938 43947 43956
 GGT CGA AGT CGT CGC GGT CGA CCT GCC AGG AGC GGA CGT CGG GAC CGA AGA TCT

 G R S R R G R P A R S G R R D R R S
 V E V V A V D L P G A D V G T E D L
 S K S S R S T C Q E R T S G P K I F

 A L R D G L G G Q G L A A A R R E Q
 P W D I A W D E K G W R L L V G N K
 R G T S R G T R R A G A C C C A T R

 AGC CGG TCA GCT AGC GGG TCA GGA GGA ACG GGG TCG CGT CGT CGT GCG GCA AGA
 43965 43974 43983 43992 44001 44010
 TCG GCC AGT CGA TCG CCC AGT CCT CCT TGC CCC AGC GCA GCA GCA CGC CGT TCT

 S A S R S P S P P C P S A A A R R S
 R P V D R P V L L A P A Q Q H A V L
 G Q S I A Q S S L P Q R S S T P F L

 G H L R P L R G G G A R R R P R H H
 V T Y G R S D V E E L A G V L D I I
 S R T V A P T S R R W R A S S T S S

 ACT GGC ACA TTG GCG CCC TCA GCT GGA GGA GGT CGC GCG GCT GCT CCA GCT ACT
 44019 44028 44037 44046 44055 44064
 TGA CCG TGT AAC CGC GGG AGT CGA CCT CCT CCA GCG CGC CGA CGA GGT CGA TGA

 * P C N R G S R P P P A R R R G R *
 D R V T A G V D L L Q R A D E V D D
 T V * P R E S T S S S A P T R S M M

 H P V L L R D V R R H P L A P L D G
 T R C S S A I S E G I H Y R P F T E
 P A A R P P S R S A S T T A R S P R

 ACC ACG CCG TGC TCC TCC GCT AGC TGA GCG GCT ACA CCA TCG CGC CCT TCC AGA
 44073 44082 44091 44100 44109 44118
 TGG TGC GGC ACG AGG AGG CGA TCG ACT CGC CGA TGT GGT AGC GCG GGA AGG TCT

W C G T R R S T R R C G S A G R S
 G A A R G G D R L A D V V A R E G L
 V R H E E A I D S P M W * R G K V S
 T G I A E R V H R G Q Q A L L G G H
 R E L L K V S M G A K S L L S A A T
 G N W Y S * P C A P R A S C P P R R

 GGG CAA GGT TAT CGA AGT GCC TGT ACG GCC GGA ACG ACT CGT TCC TCC GGC GGC
 44127 44136 44145 44154 44163 44172
 CCC GTT CCA ATA GCT TCA CGG ACA TGC CGG CCT TGC TGA GCA AGG AGG CCG CCG

 P V P I A S R T C R P C * A R R P P
 P F Q * L H G H A G L A E Q G G R R
 R S N S F T D M P A L L S K E A A V
 I G G A W R R D R A S K Q V H L E G
 S G A P G G G I V L V K K S M S S G
 P D R R G V A S * S C K K P C P A G

 ACC TAG GGC GGC CGG GTG GCG GCT AGT GCT CGT GAA AAA ACC TGT ACC TCG AGG
 44181 44190 44199 44208 44217 44226
 TGG ATC CCG CCG GCC CAC CGC CGA TCA CGA GCA CTT TTT TGG ACA TGG AGC TCC

 W I P P A H R R S R A L F W T W S S
 G S R R P T A D H E H F F G H G A P
 D P A G P P P I T S T F L D M E L P
 S I I * T E R R P A N R I S I F M R
 V S L E P K V D R R (M) A S L F S C G H
 W Q Y N L N * T A A C Q P Y F H V D

 GGT GAC TAT TAA GTC CAA AGT GCA GCG CCG CGT AAC GCC TAT CTT TAC TTG TAG
 44235 44244 44253 44262 44271 44280
 CCA CTG ATA ATT CAG GTT TCA CGT CGC GGC GCA TTG CGG ATA GAA ATG AAC ATC

 P L I I Q V S R R G A L R I E M N I
 H * * F R F H V A A H C G * K * T S
 T D N S G F T S R R I A D R N E H P
 C P Y N H F V E G L T T A V S * H F
 A R T I T F Y K E S H L R S A R T S
 P V P L Q S I S R R T Y D R R E L P

 GCC GTG CCC ATT AAC ACT TTA TGA AGA GGC TCA CAT CAG CGC TGC GAG ATC ACC
 44289 44298 44307 44316 44325 44334
 CGG CAC GGG TAA TTG TGA AAT ACT TCT CCG AGT GTA GTC GCG ACG CTC TAG TGG

 R H G * L * N T S P S V V A T L * W
 G T G N C E I L L R V * S R R S S G
 A R V I V K Y F S E C S R D A L V E
 R * D K K M R S * T A D A E P N T G
 D R T R R * A R S H L M R K P I L A
 I E L G E E H A V I Y C G S R S * H

 TTA GAG ATC AGG AAG AAG TAC GCG CTG ATA CAT CGT AGG CGA AGC CCT AAT CAC

44343 44352 44361 44370 44379 44388
 AAT CTC TAG TCC TTC TTC ATG CGC GAC TAT GTA GCA TCC GCT TCG GGA TTA GTG

 N L * S F F M R D Y V A S A S G L V
 I S S P S S C A T M * H P L R D * C
 S L V L L H A R L C S I R F G I S A

 L E A V T R Y L L T I P V R T S V S
 S S R S R G T F S R S P F G R V S R
 R A G R G D Q L P A H H S G A Y Q G

 GGC TCG AGG CGC TGG CAG GAC ATT TCC TCG CAC TAC CCT TGG GCG CAT GAC TGG
 44397 44406 44415 44424 44433 44442
 CCG AGC TCC GCG ACC GTC CTG TAA AGG AGC GTG ATG GGA ACC CGC GTA CTG ACC

 P S S A T V L * R S V M G T R V L T
 R A P R P S C K G A * W E P A Y * P
 E L R D R P V K E R D G N P R T D R

 A C K L A E D G V A E D V Q R T R E
 P A S S L K T E S P K M W K G P A N
 L R V Q S S R R R R S * G S A P H T

 CTC CGC GTG AAC TCT CGA AGC AGA GGC TGC CGA AGT AGG TGA ACG GCC CAC GCA
 44451 44460 44469 44478 44487 44496
 GAG GCG CAC TTG AGA GCT TCG TCT CCG ACG GCT TCA TCC ACT TGC CGG GTG CGT

 E A H L R A S S P T A S S T C R V R
 R R T * E L R L R R L H P L A G C V
 G A L E S F V S D G F I H L P G A F

 G R L E G F L R A G Q Q P P L Q V H
 G A S S A S S A H A R S H R C S S M
 G R P A R R L P T R G A T A A V P C

 AGG GGC GCC TCG AGC GGC TTC TCC GCA CGC GGG ACG ACA CCG CCG TTG ACC TGT
 44505 44514 44523 44532 44541 44550
 TCC CCG CGG AGC TCG CCG AAG AGG CGT GCG CCC TGC TGT GGC GGC AAC TGG ACA

 S P R S S P K R R A P C C G G N W T
 P R G A R R R G V R P A V A A T G H
 P A E L A E E A C A L L W R Q L D M

 V G V V R G G P R P F H D P Q P H A
 S G S S G A V Q V R S T T R S P T R
 P G R R G P W R S A P L P G A P P A

 ACC TGG GGC TGC TGG GCC GGT GGA CCT GCG CCC TTC ACC AGG CCG ACC CCC ACG
 44559 44568 44577 44586 44595 44604
 TGG ACC CCG ACG ACC CGG CCA CCT GGA CGC GGG AAG TGG TCC GGC TGG GGG TGC

 W T P T T R P P G R G K W S G W G C
 G P R R P G H L D A G S G P A G G A
 D P D D P A T W T R E V V R L G V R

 V V V H E Q A G G V G R R Q V G G V
 S S S T N R R A A L V G V S C A A *

R R R R T G A R R W C G S A A R R R
CGC TGC TGC TGC ACA AGG ACG CGC GGC GGT TGT GGG GCT GCG ACG TGC GGC GGA
44613 44622 44631 44640 44649 44658
GCG ACG ACG ACG TGT TCC TGC GCG CCG CCA ACA CCC CGA CGC TGC ACG CCG CCT
A T T T C S C A P P T P R R C T P P
R R R R V P A R R Q H P D A A R R L
D D D V F L R A A N T P T L H A A Y
V L E G P L A P P L G S V C T P V N
S W S A P S P R H C G A S A P R C T
R G A R R P P G T A A R Q R L D A R
TGC TGG TCG AGC GGC CCC TCC CGG CCA CCG TCG GGC GAC TGC GTC CAG CCG TGC
44667 44676 44685 44694 44703 44712
ACG ACC AGC TCG CCG GGG AGG GCC GGT GGC AGC CCG CTG ACG CAG GTC GGC ACG
T T S S P G R A G G S P L T Q V G T
R P A R R G G P V A A R * R R S A R
D Q L A G E G R W Q P A D A G R H V
G T R N G T V F R G S S V S S * P Q
G P A T E R S S A A R P S R P S R S
E R H P K G H R L P G L L G L V V A
AAG GGC CAC GCC AAA GGG CAC TGC TTC GCC GGG CTC CTC TGG CTC CTG ATG CCG
44721 44730 44739 44748 44757 44766
TTC CCG GTG CGG TTT CCC GTG ACG AAG CGG CCC GAG GAG ACC GAG GAC TAC GGC
F P (V) R F P V T K R P E E T E D Y G X13
S R C G F P * R S G P R R P R T T A
P G A V S R D E A A R G D R G L R L
C M S A L K R A S S A S A S R S Q D
A C R R W S G P R P R P R R G P S T
P V D V G A E Q G L V R V G V P V P
ACC GTG TAG CTG CGG TCG AAG GAC CGG CTC CTG CGC CTG CGG CTG GCC CTG ACC
44775 44784 44793 44802 44811 44820
TGG CAC ATC GAC GCC AGC TTC CTG GCC GAG GAC GCG GAC GCC GAC CGG GAC TGG
W H I D A S F L A E D A D A D R D W
G T S T P A S W P R T R T P T G T G
A H R R Q L P G R G R G R R P G L V
P S S S T I G G S * S L I K R * L T
R H A P R S G A P S R C S R G S C R
G T L Q V H D R R V V V L D E A V V
AGG CCA CTC GAC CTG CAC TAG GGC GGC CTG ATG CTG TTC TAG AAG GCG ATG TTG
44829 44838 44847 44856 44865 44874
TCC GGT GAG CTG GAC GTG ATC CCG CCG GAC TAC GAC AAG ATC TTC CGC TAC AAC
S G E L D V I P P D Y D K I F R Y N
P V S W T * S R R T T R S S A T T
R * A G R D P A G L R Q D L P L Q R

H D R P R A S S S R S R N E S V P S
 T T G R G P A A A G A G T R P C R R
 H P G A A P R Q Q E Q E Q E R V G A

 CAC ACC AGG GCG CCG GCC CGC GAC GAC GAG GAC GAG GAC AAG AGC CTG TGG CCG
 44883 44892 44901 44910 44919 44928
 GTG TGG TCC CGC GGC CGG GCG CTG CTG CTC CTG CTC CTG TTC TCG GAC ACC GGC

 V W S R G R A L L L L L L F S D T G
 C G P A A G R C C S C S C S R T P A
 V V P R P G A A A P A P V L G H R R

 S S A G V S I R A P E W R S T G G S
 P P R A W A S G R R S G G P R A A A
 L L V R G R Q D A G A G V Q V H R R

 CTC CTC CTG CGC GGG TGC GAC TAG GCG CGG CCG AGG GTG GAC CTG CAC GGC GGC
 44937 44946 44955 44964 44973 44982
 GAG GAG GAC GCG CCC ACG CTG ATC CGC GCC GGC TCC CAC CTG GAC GTG CCG CCG

 E E D A P T L I R A G S H L D V P P
 R R T R P R * S A P A P T W T C R R
 G G R A H A D P R R L P P G R A A A

 S S G Y P A S P V * R S A P S T P R
 A P A T H R P P C R G P P R P P P V
 Q Q L R I A R L A G V Q L G P L H S

 GAC GAC CTC GGC ATA CCG CGC CTC CCG TGG ATG GAC CTC CGG CCC CTC CAC CCT
 44991 45000 45009 45018 45027 45036
 CTG CTG GAG CCG TAT GGC GCG GAG GGC ACC TAC CTG GAG GCC GGG GAG GTG GGA

 L L E P Y G A E G T Y L E A G E V G
 C W S R M A R R A P T W R P G R W D
 A G A V W R G G H L P G G R G G G T

 S R G S L D A V P F A P S A * R H W
 P G A A * T P W P S P R P R R D T G
 P V P R E P R G R P L G P V G I Q A

 GCC CTG GCC GGC GAG TCC AGC CGG TGC CCC TTC CGG CCC CTG CGG ATA GAC ACG
 45045 45054 45063 45072 45081 45090
 CGG GAC CGG CCG CTC AGG TCG GCC ACG GGG AAG GCC GGG GAC GCC TAT CTG TGC

 R D R P L R S A T G K A G D A Y L C
 G T G R S G R P R G R P G T P I C A
 G P A A Q V G H G E G R G R L S V P

 G K R T C V G T A L V P V R G R K M
 G R G P A C A P P W C R C G G A S *
 V G E Q H V R R H G V G A G A R A E

 GTG GGG AAG GAC CAC GTG TGC GGC CAC CGG TTG TGG CCG TGG GCG GGC GCG AAG
 45099 45108 45117 45126 45135 45144
 CAC CCC TTC CTG GTG CAC ACG CCG GTG GCC AAC ACC GGC ACC CGC CCG CGC TTC

H P F L V H T P V A N T G T R P R F
 T P S W C T R R W P T P A P A R A S
 P L P G A H A G G Q H R H P P A L H
 A W G F R S G T P C S S S S R G S P
 P G A S G A A R P A A R V R G A R R
 H G L R V Q Q G H P L E F E V P G V

 TAC CGG GTC GGC TTG GAC GAC GGG CAC CCC GTC GAG CTT GAG CTG GCC GGG CTG
 45153 45162 45171 45180 45189 45198
 ATG GCC CAG CCG AAC CTG CTG CCC GTG GGG CAG CTC GAA CTC GAC CGG CCC GAC

 M A Q P N L L P V G Q L E L D R P D
 W P S R T C C P W G S S N S T G P T
 G P A E P A A R G A A R T R P A R R
 R Y V G T S C A T R R P R P L S M G
 A T C G P R A P L A G P G P C P C V
 P P V G R D L L C H A P A Q A L V Y

 CCC GCC ATG TGG GGC CAG CTC GTC CGT CAC GCG GCC CCG GAC CCG TTC CTG TAT
 45207 45216 45225 45234 45243 45252
 GGG CGG TAC ACC CCG GTC GAG CAG GCA GTG CGC CGG GGC CTG GGC AAG GAC ATA

 G R Y T P V E Q A V R R G L G K D I
 G G T P R S S R Q C A G A W A R T Y
 A V H P G R A G S A P G P G Q G H T
 R R S P R H R S P P S A P R P A G R
 A V L P G T V L H R L L L G H R G G
 R S S L A P S S I A S F C A T A G G

 GGC GCT GCT CTC CCG GCC ACT GCT CTA CCG CCT CTT CGT CCG GCA CCG CGG GGG
 45261 45270 45279 45288 45297 45306
 CCG CGA CGA GAG GGC CGG TGA CGA GAT GGC GGA GAA GCA GGC CGT GGC GCC CCC

 P R R E G R * R D G G E A G R G A P
 R D E R A G D E M A E K Q A V A P P
 A T R G P V T R W R R S R P W R P P
 S P G S G A P T R R F P W G P R P G
 P R V Q D P Q H E A S H G G L D H A
 Q V S R I R S T N P P I A V W T T P

 GAC CTG CCT GGA CTA GGC CGA CCA CAA GCC GCC TTA CCG GTG GGT CCA GCA CCC
 45315 45324 45333 45342 45351 45360
 CTG GAC GGA CCT GAT CCG GCT GGT GTT CGG CGG AAT GGC CAC CCA GGT CGT GGG

 L D G P D P A G V R R N G H P G R G
 W T D L I R L V F G G (M) A T Q V V G
 G R T * S G W C S A E W P P R S W A
 P P A A A A A R R S R P P R V S R R
 Q R H P Q P Q G V R D P L A F P G G
 R A T R S R S G S A I P S P S R V A

 GGA CCG CCA CGC CGA CGC CGA CGG GCT GCG CTA GCC CCT CCC GCT TGC CTG GCG

45369 45378 45387 45396 45405 45414
 CCT GGC GGT GCG GCT GCG GCT GCC CGA CGC GAT CGG GGA GGG CGA ACG GAC CGC

 P G G A A A A A R R D R G G R T D R
 L A V R L R L P D A I G E G E R T A
 W R C G C G C P T R S G R A N G P P

 R A P R R S R S R V R Q W S G A T A
 V P Q G G V E L A F G S G H V P Q Q
 S P S A A S K S L S G A A M F R S N

 GCT GCC CGA CCG GCG GCT GAA GCT CTC GCT TGG GCG ACG GTA CTT GGC CGA CAA
 45423 45432 45441 45450 45459 45468
 CGA CGG GCT GGC CGC CGA CTT CGA GAG CGA ACC CGC TGC CAT GAA CCG GCT GTT

 R R A G R R L R E R T R C H E P A V
 D G L A A D F E S E P A A M N R L L
 T G W P P T S R A N P L P * T G C C

 R G P R A R L A A R T W A R R T R G
 A A Q G R E S H Q A L G L G A H E G
 R P R A A S P T S R S D L G P T N A

 GGC GCC GGA CCG GCG CGA GCC TCA CGA CGC GCT CAG GTT CGG GCC GCA CAA GCG
 45477 45486 45495 45504 45513 45522
 GCG CGG CCT GGC CGC GCT CGG AGT GCT GCG CGA GTC CAA GCC CGG CGT GTT CGC

 A R P G R A R S A A R V Q A R R V R
 R G L A A L G V L R E S K P G V F A
 A A W P R S E C C A S P S P A C S P

 S V P R P V A D R R G S A T R G S V
 Q C R D P F Q T A G V A R R G E V *
 R V G T P S S R R A S R E G D K W E

 GGA CTG TGG CCA GCC CCT TGA CGC AGC GCG GCT GGC GAG CGG CAG GAA GGT GAG
 45531 45540 45549 45558 45567 45576
 CCT GAC ACC GGT CGG GGA ACT GCG TCG CGC CGA CCG CTC GCC GTC CTT CCA CTC

 P D T G R G T A S R R P L A V L P L
 L T P V G E L R R A D R S P S F H S
 * H R S G N C V A P T A R R P S T H

 P G S A * R D R P R S P R A A G P G
 Q G P H E G I G R D R R G P L V Q V
 S A R I S V S G A T A V A Q C C R S

 TGA CCG GGC CTA CGA GTG GCT AGG GCG CCA GCG CTG CCG GAC CGT CGT GGA CCT
 45585 45594 45603 45612 45621 45630
 ACT GGC CCG GAT GCT CAC CGA TCC CGC GGT CGC GAC GGC CTG GCA GCA CCT GGA

 T G P D A H R S R G R D G L A A P G
 L A R M L T D P A V A T A W Q H L D
 W P G C S P I P R S R R P G S T W T

 C R G C R R G P R R G R R R G P S R
 V A D A G A A R G E V V D E A P V E

W L T R V P P G A K S W T K P R S K

 GGT GTC GCA GGC GTG GCC GCC GGG CCG GAA GCT GGT GCA GAA GCC GGC CCT GAA
 45639 45648 45657 45666 45675 45684
 CCA CAG CGT CCG CAC CGG CGG CCC GGC CTT CGA CCA CGT CTT CGG CCG GGA CTT

 P Q R P H R R P G L R P R L R P G L
 H S V R T G G P A F D H V F G R D F
 T A S A P A A R P S T T S S A G T S

 R T G P P R G R G T T A R C R P S S
 E R V Q R V V G V Q R P E V V R R H
 K A Y R A S S G S R D H S * L A A I

 GAA GCG CAT GGA CCG CCT GCT GGG GCT GGA CAG CAC CGA GAT GTT GCG CCG CTA
 45693 45702 45711 45720 45729 45738
 CTT CGC GTA CCT GGC GGA CGA CCC CGA CCT GTC GTG GCT CTA CAA CGC GGC GAT

 L R V P G G R P R P V V A L Q R G D
 F A Y L A D D P D L S W L Y N A A M
 S R T W R T T P T C R G S T T R R *

 G P C R H S R R G P R P A G P S R R
 A L A G T P D G A Q D R R V L V E G
 L W P V P P I A P R T A A C W S K E

 CTC GGT CCC GTG GCC ACC CTA GCG GCC GGA CCA GCG CCG CGT GGT CCT GAA GAG
 45747 45756 45765 45774 45783 45792
 GAG CCA GGG CAC CGG TGG GAT CGC CGG CCT GGT CGC GGC GCA CCA GGA CTT CTC

 E P G H R W D R R P G R G A P G L L
 S Q G T G G I A G L V A A H Q D F S
 A R A P V G S P A W S R R T R T S P

 R G C R P P R R P R P R S A A P R P
 A D A G H H V D P A P V P R Q Q G R
 P T R V T T S T P P P S P V S S A A

 GCC GCA GGC GTG GCA CCA CCT GCA GCC CCC GCC CCT GCC CTG CGA CGA CCG GCG
 45801 45810 45819 45828 45837 45846
 CGG CGT CCG CAC CGT GGT GGA CGT CGG GGG CGG GGA CGG GAC GCT GCT GGC CGC

 R R P H R G G R R G R G R D A A G R
 G V R T V V D V G G G D G T L L A A
 A S A P W W T S G A G T G R C W P R

 A A R A G R A A R R A T R S P P R P
 H Q A R V G R Q A A H Q V V R R G P
 T S R A C G E S R P T S Y S E A A P

 CCA CGA CGC GCG CGT GGG GAG CGA CGC GCC GCA CGA CAT GCT GAG CCG CCG GCC
 45855 45864 45873 45882 45891 45900
 GGT GCT GCG CGC GCA CCC CTC GCT GCG CGG CGT GCT GTA CGA CTC GGC GGC CGG

 G A A R A P L A A R R A V R L G G R
 V L R A H P S L R G V L Y D S A A G
 C C A R T P R C A A C C T T R R P G

R A P R P P A P P P P R R P G R P P
D R L G P L H Q R R R A D R V A R H
T A C A P S T S A A A P T A S R A T

CCA GCG CGT CCG GCC CCT CCA CGA CCG CCG CCG CCC GCA GCG CCT GGC GCG CCA
45909 45918 45927 45936 45945 45954
GGT CGC GCA GGC CGG GGA GGT GCT GGC GGC GGC GGG CGT CGC GGA CCG CGC GGT

G R A G R G G A G G G G R R G P R G
V A Q A G E V L A A A G V A D R A V
S R R P G R C W R R R A S R T A R W

P R R S R R R R V R P R H G R G A *
L G A V E E G G Y G L A T V E V Q E
S A P S K K A A T G S P P S R * R S

CCT CCG GCC GCT GAA GAA GCG GCG GCA TGG GCT CCC GCC ACT GGA GAT GGA CGA
45963 45972 45981 45990 45999 46008
GGA GGC CGG CGA CTT CTT CGC CGC CGT ACC CGA GGG CGG TGA CCT CTA CCT GCT

G G R R L L R R R T R G R * P L P A
E A G D F F A A V P E G G D L Y L L
R P A T S S P P Y P R A V T S T C S

S R R G H S P P R A P R S S E P A S
L \ A D D M A P L V L P G R P N Q R V
L L T T W P Q S S S R A A L I R A C

GTT CTC GCA GCA GGT ACC GAC CCT CCT GCT CGC CCG GCG CTC CTA AGA CCG CGT
46017 46026 46035 46044 46053 46062
CAA GAG CGT CGT CCA TGG CTG GGA GGA CGA GCG GGC CGC GAG GAT TCT GGC GCA

Q E R R P W L G G R A G R E D S G A
K S V V H G W E D E R A A R I L A H
R A S S M A G R T S G P R G F W R T

G G P V A P A R G S R * P R A G A A
A A P C Q R R V A P D D H D L V Q Q
Q R R A S G A C P R I T M T S C R S

GAC GGC GGC CCG TGA CGG CCG CGT GCC GGC CTA GCA GTA CCA GCT CGT GGA CGA
46071 46080 46089 46098 46107 46116
CTG CCG CCG GGC ACT GCC GGC GCA CGG CCG GAT CGT CAT GGT CGA GCA CCT GCT

L P P G T A G A R P D R H G R A P A
C R R A L P A H G R I V M V E H L L
A A G H C R R T A G S S W S S T C C

R C P A R P R R A S S R G * R G * G
G V R H G R V G H R R G V E V V E V
G S V T G A S A T G V V * R L S R L

CGG GCT GTG CCA CGG GCG CCT GCG GCA CGG CTG CTG GAT GGA GTT GCT GGA GTT
46125 46134 46143 46152 46161 46170
GCC CGA CAC GGT GCC CGC GGA CGC CGT GCC GAC GAC CTA CCT CAA CGA CCT CAA

A R H G A R G R R A D D L P Q R P Q
P D T V P A D A V P T T Y L N D L N
P T R C P R T P C R R P T S T T S T

A P * R C R A P A C A H R S R V A R
Q Q D V A V P Q L A R T A V E F L E
R S T L P L P S S R V R P S K S C S

GGA CGA CCA GTT GCC GTT GCC CGA CCT CGC GTG CGC ACC GCT GAA GCT TGT CGA
46179 46188 46197 46206 46215 46224
CCT GCT GGT CAA CGG CAA CGG GCT GGA GCG CAC GCG TGG CGA CTT CGA ACA GCT

P A G Q R Q R A G A H A W R L R T A
L L V N G N G L E R T R G D F E Q L
C W S T A T G W S A R V A T S N S S

R P P P G S P R L P * A A P R F R G
A R R R A Q R D F R D R R Q G S G V
Q A A A P R V T S A T V G S A P V S

GAC GCG CCG CCG CCC GGA CTG CCA GCT TCG CCA GTG CGG CGA CCG GCC TTG GCT
46233 46242 46251 46260 46269 46278
CTG CGC GGC GGC GGG CCT GAC GGT CGA AGC GGT CAC GCC GCT GGC CGG AAC CGA

L R G G G P D G R S G H A A G R N R
C A A A G L T V E A V T P L A G T D
A R R R A * R S K R S R R W P E P T

T A S R P R A R K P Q G A R S L P G
Q P Q D L G H G S R S V R E A S R G
R H S I S A T G A E A S G S P Q A A

GGA CAC CGA CTA GCT CCG GCA CGG GCG AAG CCG ACT GGG CGA GCC GAC TCG CCG
46287 46296 46305 46314 46323 46332
CCT GTG GCT GAT CGA GGC CGT GCC CGC TTC GGC TGA CCC GCT CGG CTG AGC GGC

P V A D R G R A R F G * P A R L S G
L W L I E A V P A S A D P L G * A A
C G * S R P C P L R L T R S A E R P

E P F K V T S P L R M A P D P R I T
K R S N * R A R S G * Q P I P G F P
R G P I E G H E P A E N R S R A S H

GGA AGG CCC TTA AAG TGG CAC GAG CCC TCG GAG TAA CGC CCT AGC CCG GCT TAC
46341 46350 46359 46368 46377 46386
CCT TCC GGG AAT TTC ACC GTG CTC GGG AGC CTC ATT GCG GGA TCG GGC CGA ATG

P S G N F T V L G S L I A G S G R M
L P G I S P C S G A S L R D R A E W
F R E F H R A R E P H C G I G P N G

T G D L L P R * H I * * V A Q A F L
R G M W C P V S T F E S Y Q K R S C
D D W G A L S A L S N V I S S A R V

CAG CAG GGT AGG TCG TTC CCT GCG ATC ACT TAA GTG ATA TGA CGA ACG CGC TTG

46395 46404 46413 46422 46431 46440
 GTC GTC CCA TCC AGC AAG GGA CGC TAG TGA ATT CAC TAT ACT GCT TGC GCG AAC

 V V P S S K G R * * I H Y T A C A N
 S S H P A R D A S E F T I L L A R T
 R P I Q Q G T L V N S L Y C L R E Q

 S K G P S K G Y R K R H S A I R M I
 H N V Q A R G T G N G T V P S V C *
 T I * R P E E R V T E P S Q R Y A N

 TCA CTA AAT GGA CCC GAG AAG GGC ATG GCA AAG GCC ACT GAC CGC TAT GCG TAA
 46449 46458 46467 46476 46485 46494
 AGT GAT TTA CCT GGG CTC TTC CCG TAC CGT TTC CGG TGA CTG GCG ATA CGC ATT

 S D L P G L F P Y R F R * L A I R I
 V I Y L G S S R T V S G D W R Y A L
 * F T W A L P V P F P V T G D T H Y

 * P Q S I I R D L R A S M V P I V P
 E R S P S S E T * A L A * * P F * Q
 N V A P L H N Q R P S R E N R S D S

 AA GTG CCG ACC CTC TAC TAA GAC AGA TCC GCT CGC GAG TAA TGC CCT TAG TGA
 46503 46512 46521 46530 46539 46548
 ATT CAC GGC TGG GAG ATG ATT CTG TCT AGG CGA GCG CTC ATT ACG GGA ATC ACT

 I H G W E (M) I L S R R A L I T G I T E3
 F T A G R * F C L G E R S L R E S L
 S R L G D D S V * A S A H Y G N H W

 W S P V * R A R * S M S D P Y S T K
 G P H C K G R A D V * R I R I H L R
 A L I A S V E R T L E D F G S I F D

 CCG GTC CTA CCG TGA ATG GAG CGC GCA GTT GAG TAG CTT AGG CCT ATA CTT CAG
 46557 46566 46575 46584 46593 46602
 GGC CAG GAT GGC ACT TAC CTC GCG CGT CAA CTC ATC GAA TCC GGA TAT GAA GTC

 G Q D G T Y L A R Q L I E S G Y E V
 A R M A L T S R V N S S N P D M K S
 P G W H L P R A S T H R I R I * S L

 P I T R P C P R G Y A R S P R G R C
 R F P A R A P G A T H G R R D A G A
 E S H H A P L A P R I G A V T P G Q

 AAG CCT TAC CAC GCG CCC GTC CCG GCC GGC ATA CGG GCG CTG CCA GCC GGG GAC
 46611 46620 46629 46638 46647 46656
 TTC GGA ATG GTG CGC GGG CAG GGC CGG CCG TAT GCC CGC GAC GGT CGG CCC CTG

 F G M V R G Q G R P Y A R D G R P L
 S E W C A G R A G R M P A T V G P C
 R N G A R A G P A V C P R R S A P A

 G S M R T T L P S K S S W V L R I A
 G P C G L P S R R S A P G S S G S R

V R V D S H H A A V Q Q V L R A Q D
GTG GGC CTG TAG GCT CAC CAC TCG CCG CTG AAC GAC CTG GTC TGC TCG GAC TAG
46665 46674 46683 46692 46701 46710
CAC CCG GAC ATC CGA GTG GTG AGC GGC GAC TTG CTG GAC CAG ACG AGC CTG ATC
H P D I R V V S G D L L D Q T S L I
T R T S E W * A A T C W T R R A * S
P G H P S G E R R L A G P D E P D R
A T S C D Q G V S I * L R P A R D N
Q Q R A T R G W R S R C G R R G T T
S S D L L G A G G L D V V E A G Q R
CGA CGA CAG CTC GTC AGG ACG GGG TGG CTC TAG ATG TTG GAG CCG CGG GAC AGC
46719 46728 46737 46746 46755 46764
GCT GCT GTC GAG CAG TCC TGC CCC ACC GAG ATC TAC AAC CTC GGC GCC CTG TCG
A A V E Q S C P T E I Y N L G A L S
L L S S S P A P P R S T T S A P C R
C C R A V L P H R D L Q P R R P V V
T G T E Q F C G V T A A S T V P L P
R G P R R S A A W R Q R P P S R C P
E D R D G P L L G G N G R L H G A L
AAG CAG GGC CAG AGG ACC TTC GTC GGG TGG CAA CGG CGC CTC CAC TGG CCG TTC
46773 46782 46791 46800 46809 46818
TTC GTC CCG GTC TCC TGG AAG CAG CCC ACC GTT GCC GCG GAG GTG ACC GGC AAG
F V P V S W K Q P T V A A E V T G K
S S R S P G S S P P L P R R * P A R
R P G L L E A A H R C R G G D R Q G
T S R I S S A M R M V A P S L L E R
H A A S A P P W G C * P P A * C N G
T H Q P H Q L G D A D R R P E A T G
CCA CAC GAC GCC TAC GAC CTC CGG TAG GCG TAG TGC CGC CCC GAG TCG TCA AGG
46827 46836 46845 46854 46863 46872
GT GTG CTG CGG ATG CTG GAG GCC ATC CGC ATC ACG GCG GGG CTC AGC AGT TCC
G V L R M L E A I R I T A G L S S S
V C C G C W R P S A S R R G S A V P
C A A D A G G H P H H G G A Q Q F P
V V L L P T G R K * * A E V E S I N
S W W C R R G A S R D P R W R P S T
P G G A A A D R A E I L G G G R L H
GCC TGG TGG TCG TCG CCG CAG GGC GCG AAG ATA GTC CGG AGG TGG AGC CTC TAC
46881 46890 46899 46908 46917 46926
CGG ACC ACC AGC AGC GGC GTC CCG CGC TTC TAT CAG GCC TCC ACC TCG GAG ATG
R T T S S G V P R F Y Q A S T S E M
G P P A A A S R A S I R P P P R R C
D H Q Q R R P A L L S G L H L G D V

P F T R S D G C L S A V G K W G R L
 R F P A P T G A S R P W A R G G A C
 E S L H P L G R L A L G R G E V R A

 AAG CCT TTC CAC GCC CTC AGG GGC GTC TCG CTC CGG TGC GGG AAG GTG GGC GCG
 46935 46944 46953 46962 46971 46980
 TTC GGA AAG GTG CGG GAG TCC CCG CAG AGC GAG GCC ACG CCC TTC CAC CCG CGC

 F G K V R E S P Q S E A T P F H P R
 S E R C G S P R R A R P R P S T R A
 R K G A G V P A E R G H A L P P A Q

 G * P T A L A N P C * M T C F * R S
 G R R P P W P T R A S C P A S S G R
 A G V P H G L R E P V V H H L V V A

 TCG GGG ATG CCC CAC CGG TTC CGC AAG CCC GTG ATG TAC CAC GTC TTG ATG GCG
 46989 46998 47007 47016 47025 47034
 AGC CCC TAC GGG GTG GCC AAG GCG TTC GGG CAC TAC ATG GTG CAG AAC TAC CGC

 S P Y G V A K A F G H Y M V Q N Y R
 A P T G W P R R S G T T W C R T T A
 P L R G G Q G V R A L H G A E L P R

 D Y P I N A T L P I R N L W S D G I
 T T R S T R P * R S G T * G R T V S
 L R V P H E R D A P D Q E V V L * R

 CTC AGC ATG CCC TAC AAG CGC CAG TCG CCC TAG GAC AAG TTG GTG CTC AGT GGC
 47043 47052 47061 47070 47079 47088
 GAG TCG TAC GGG ATG TTC GCG GTC AGC GGG ATC CTG TTC AAC CAC GAG TCA CCG

 E S Y G M F A V S G I L F N H E S P
 S R T G C S R S A G S C S T T S H R
 V V R D V R G Q R D P V Q P R V T D

 R P G S N T V R L T D S P T A A T F
 G P G P T R * A C P T A R P P R R S
 D P A R L E D R A L H R E P H G G H

 TAG GCC CCG GGC CTC AAG CAG TGC GCG TTC CAC AGC GAG CCC CAC CGG CGG CAC
 47097 47106 47115 47124 47133 47142
 ATC CGG GGC CCG GAG TTC GTC ACG CGC AAG GTG TCG CTC GGG GTG GCC GCC GTG

 I R G P E F V T R K V S L G V A A V
 S G A R S S S R A R C R S G W P P *
 P G P G V R H A Q G V A R G G R R E

 S P R I S L S R S P L R S A S R S Q
 A P G S P C A G A P C G P P P V R S
 L Q A Q H V L E P Q A V Q L R F A V

 TTC GAC CCG GAC TAC CTG TTC GAG GCC GAC CCG TTG GAC CTC CGC CTT GCG CTG
 47151 47160 47169 47178 47187 47196
 AAG CTG GGC CTG ATG GAC AAG CTC CGG CTG GGC AAC CTG GAG GCG GAA CGC GAC

K L G L M D K L R L G N L E A E R D
 S W A * W T S S G W A T W R R N A T
 A G P D G Q A P A G Q P G G G T R L
 P K A P S * T R P M V I I S A W S S
 P S R L P S R A R C S S S A R G P R
 P A E C P V V H A A H R H H E G L V

 ACC CCG AAG CGT CCC CTG ATG CAC GCG CCG TAC TGC TAC TAC GAG CGG GTC CTG
 47205 47214 47223 47232 47241 47250
 TGG GGC TTC GCA GGG GAC TAC GTG CGC GGC ATG ACG ATG ATG CTC GCC CAG GAC

 W G F A G D Y V R G M T M M L A Q D
 G A S Q G T T C A A * R * C S P R T
 G L R R G L R A R H D D D A R P G R
 G S S R T R P V P I V W R T R S R T
 A P P G R G R C R S * G G P A R D P
 L R L V E D E A G P D G V P H A I Q

 CTC GGC CTC CTG GAG CAG GAG CCG TGG CCC TAG TGG GTG GCC CAC GCG CTA GAC
 47259 47268 47277 47286 47295 47304
 GAG CCG GAG GAC CTC GTC CTC GGC ACC GGG ATC ACC CAC CGG GTG CGC GAT CTG

 E P E D L V L G T G I T H R V R D L
 S R R T S S S A P G S P T G C A I W
 A G G P R P R H R D H P P G A R S G
 S K A K A C T P S S Q R S W T S T S
 P N R R R A R R A P S A R G R P P P
 H I E G E R V D P Q V P A V V H L H

 CAC CTA AAG CGG AAG CGC GTG CAG CCC GAC CTG ACC GCG CTG GTG CAC CTC CAC
 47313 47322 47331 47340 47349 47358
 GTG GAT TTC GCC TTC GCG CAC GTC GGG CTG GAC TGG CGC GAC CAC GTG GAG GTG

 V D F A F A H V G L D W R D H V E V
 W I S P S R T S G W T G A T T W R W
 G F R L R A R R A G L A R P R G G G
 E R S S R G A S T S S S Q A S R L R
 S G A A A G P P P P V A R R R G S G
 V G P Q Q A R R L H F Q E A G V Q A

 CTG AGG GCC GAC GAC GCG GGC CGC CTC CAC CTT GAC GAG ACG CGG CTG GAC TCG
 47367 47376 47385 47394 47403 47412
 GAC TCC CGG CTG CTG CGC CCG GCG GAG GTG GAA CTG CTC TGC GCC GAC CTG AGC

 D S R L L R P A E V E L L C A D L S
 T P G C C A R R R W N C S A P T * A
 L P A A A P G G G G T A L R R P E P
 A R C F S P Q F G S T E N S S S T A
 R E A S A R S S A R P R T R P V P R
 A S P L L E A P L G L D R E L F Q D

 GCG CGA GCC GTC TTC GAG CCG ACC TTC GGG CTC CAG AGC AAG CTC CTT GAC CAG

47421 47430 47439 47448 47457 47466
CGC GCT CGG CAG AAG CTC GGC TGG AAG CCC GAG GTC TCG TTC GAG GAA CTG GTC

R A R Q K L G W K P E V S F E E L V
A L G R S S A G S P R S R S R N W S
R S A E A R L E A R G L V R G T G R

M I T S L S R R R S V S L S S A A P
W S P R C R G A G A * R C H P R R R
G H H D V A V Q A Q E G V T L V G G

CGG TAC TAC CAG CTG TCG CTG GAC GCG GAC GAG TGG CTG TCA CTC CTG CGG CGG
47475 47484 47493 47502 47511 47520
GCC ATG ATG GTC GAC AGC GAC CTG CGC CTG CTC ACC GAC AGT GAG GAC GCC GCC

A M M V D S D L R L L T D S E D A A
P * W S T A T C A C S P T V R T P P
H D G R Q R P A P A H R Q * G R R R

S A T R S C A P R H H A E R C A L D
R P R E R V P R D T T L R G A P W T
A L G N E F L G T Q P S G G P L G P

CGC CTC CGG CAA GAG CTT GTC CGG CCA GAC ACC ACT CGG AGG GCC GTC CGG TCC
47529 47538 47547 47556 47565 47574
GGC GAG GCC GTT CTC GAA CAG GCC GGT CTG TGG TGA GCC TCC CGG CAG GCC AGG

G E A V L E Q A G L W * A S R Q A R
A R P F S N R P V C G E P P G R P G
R G R S R T G R S V (V) S L P A G Q V S

A A E C S C S G E G R L R V Q R V D
P P R A R A R A R G E S A Y R D S T
R R G R V L V L G G R P P T G T P R

AGC CGC CGG AGC GTG CTC GTG CTC GGG AGG GGA GCC TCC GCA TGG ACA GCC TGC
47583 47592 47601 47610 47619 47628
TCG GCG GCC TCG CAC GAG CAC GAG CCC TCC CCT CGG AGG CGT ACC TGT CGG ACG

S A A S H E H E P S P R R R T C R T
R R P R T S T S P P L G G V P V G R
G G L A R A R A L P S E A Y L S D V

G T R L E D V P E G P A G G G R L A
A P A S N M S Q N A R H E A A A C H
R R H P T * R S T R G T S R R R A T

AGC GGC CAC GCC TCA AGT AGC TGA CCA AGC GGG CCA CGA GGC GGC GGC GCG TCA
47637 47646 47655 47664 47673 47682
TCG CCG GTG CGG AGT TCA TCG ACT GGT TCG CCC GGT GCT CCG CCG CCG CGC AGT

S P V R S S S T G S P G A P P P R S
R R C G V H R L V R P V L R R R A V
A G A E F I D W F A R C S A A A Q C

P H R P R R Q G L Q P S P P E V G V
R T V R A G S V S S R R H R N S A S

G P S A P A A S R A A A I A T R R R
 CGG CCC ACT GCG CCC GCG GCG ACT GGC TCG ACG CCG CTA CCG CCA AGC TGC GGC
 47691 47700 47709 47718 47727 47736
 GCC GGG TGA CGC GGG CGC CGC TGA CCG AGC TGC GGC GAT GGC GGT TCG ACG CCG
 A G * R G R R * P S C G D G G S T P
 P G D A G A A D R A A A M A V R R R
 R V T R A P L T E L R R W R F D A D
 R S V E R V L G S G E E G D L A Q P
 V P F R A C S D P A K K A T S P R R
 C P F G R A R T R L R R R R P G A
 TGT GCC CTT TGG AGC GCG TGC TCA GGC CTC GGA AGA AGC GGC AGC TCC CGG ACG
 47745 47754 47763 47772 47781 47790
 ACA CGG GAA ACC TCG CGC ACG AGT CCG GAG CCT TCT TCG CCG TCG AGG GCC TGC
 T R E T S R T S P E P S S P S R A C
 H G K P R A R V R S L L R R R G P A
 T G N L A H E S G A F F A V E G L R
 H A G T V P R D G L P A L G D D V L
 T R V L * P G T G S H L W G M M L W
 P A C W N R A P G R T S G A W * * G
 CCC ACG CGT GGT CAA TGC CCG GCC AGG GGC TCA CCT CGG TCG GGT AGT AGT TGG
 47799 47808 47817 47826 47835 47844
 GGG TGC GCA CCA GTT ACG GGC CGG TCC CCG AGT GGA GCC AGC CCA TCA TCA ACC
 G C A P V T G R S P S G A S P S S T
 G A H Q L R A G P R V E P A H H Q P
 V R T S Y G P V P E W S Q P I I N Q
 R L D A D E A H Q D L L D V A N R V
 G S I P M R P M S T L S T S P T G C
 A P S R C G R C A P * P P R R R E A
 TCG GCC TCT AGC CGT AGG AGC CGT ACG ACC AGT TCC TCC AGC TGC CGC AAG GCG
 47853 47862 47871 47880 47889 47898
 AGC CGG AGA TCG GCA TCC TCG GCA TGC TGG TCA AGG AGG TCG ACG GCG TTC CGC
 S R R S A S S A C W S R R S T A F R
 A G D R H P R H A G Q G G R R S A
 P E I G I L G M L V K E V D G V P H
 A E H L G L D L G A V V V A D L Q R
 Q R T C A L I S G P L W L R M W S D
 S G R A P W S R A R C G C G C G A T
 TGA CGG AGC ACG TCC GGT TCT AGC TCG GGC CGT TGG TGT TGG CGT AGG TCG ACA
 47907 47916 47925 47934 47943 47952
 ACT GCC TCG TGC AGG CCA AGA TCG AGC CCG GCA ACC ACA ACC GCA TCC AGC TGT
 T A S C R P R S S P A T T T A S S C
 L P R A G Q D R A R Q P Q P H P A V
 C L V Q A K I E P G N H N R I Q L S

R G D L G G A A V V G A D V L A A A
 G V T W A V R L L * V R M W W P R L
 A S R G P W G C C S C G C G G P G C

 GCG GCT GGC AGG TCC GGT GGG CGT CGT TGA TGT GGG CGT AGG TGG TCC CGG CGT
 47961 47970 47979 47988 47997 48006
 CGC CGA CCG TCC AGG CCA CCC GCA GCA ACT ACA CCC GCA TCC ACC AGG GCC GCA

 R R P S R P P A A T T P A S T R A A
 A D R P G H P Q Q L H P H P P G P Q
 P T V Q A T R S N Y T R I H Q G R S

 G T I Q L E E G L G A R A A G Q H V
 V R * R S N K V L A P A P R V R T S
 C G N D P T R * W P R R P G C G P P

 CGT GGG CAA TAG ACC TCA AGA AGT GGT TCC GGC CGC GCC CGG CGT GGG ACC ACC
 48015 48024 48033 48042 48051 48060
 GCA CCC GTT ATC TGG AGT TCT TCA CCA AGG CCG GCG CGG GCC GCA CCC TGG TGG

 A P V I W S S S P R P A R A A P W W
 H P L S G V L H Q G R R G P H P G G
 T R Y L E F F T K A G A G R T L V D

 D Q L G L L A R P K Q A L A V A V H
 T R C D S C P A H N R R L R L R L M
 R G A T R A P R T T E A C A C G C C

 TGC AGG ACG TCA GGC TCG TCC CGC GCA CCA AAG ACG CGT TCG CGT TGG CGT TGT
 48069 48078 48087 48096 48105 48114
 ACG TCC TGC AGT CCG AGC AGG GCG CGT GGT TTC TGC GCA AGC GCA ACC GCA ACA

 T S C S P S R A R G F C A S A T A T
 R P A V R A G R V V S A Q A Q P Q H
 V L Q S E Q G A W F L R K R N R N M

 D D L H S L V H G G G L A V V P Q R
 T T W T A S S T G A A L P * W Q S G
 P R G P P Q P R A R R W P S G S A A

 ACC AGC AGG TCC ACC GAC TCC TGC ACG GGC GGC GGT TCC CGA TGG TGA CCG ACG
 48123 48132 48141 48150 48159 48168
 TGG TCG TCC AGG TGG CTG AGG ACG TGC CCG CCG CCA AGG GCT ACC ACT GGC TGC

 W S S R W L R T C P P P R A T T G C
 G R P G G * G R A R R Q G L P L A A
 V V Q V A E D V P A A K G Y H W L P

 Q G F Q P P Q Q A D V A Q D V H V G
 S V S S R R S S R M S P R T L M S V
 A S R V A A A A C R R G P * C P C

 GCG ACT GGC TTG ACG CCG CCG ACG ACG CGT AGC TGC CGG ACC AGT TGT ACC TGT
 48177 48186 48195 48204 48213 48222
 CGC TGA CCG AAC TGC GGC GGC TGC TGC GCA TCG ACG GCC TGG TCA ACA TGG ACA

R * P N C G G C C A H S T A W S T W T
A D R T A A A A H R R P G Q T H G T
L T E L R R L L R I D G L V N M D T
P G H Q G A E R R I R E G G G P R H
R V T S A Q R G A S V N G A E R G T
G S R A P R G G P P Y T G R R G A P

GGG CCT GGC ACG ACC GGA CGG AGG GCC GCC TAT GCA AGG GGC GGA GGG CCG GCC
48231 48240 48249 48258 48267 48276
CCC GGA CCG TGC TGG CCT GCC TCC CGG CGG ATA CGT TCC CCG CCT CCC GGC CGG

P G P C W P A S R R I R S P P P G R
P D R A G L P P G G Y V P R L P A G
R T V L A C L P A D T F P A S R P V

R D T V D P R C E H Q R R R A L A G
G T P S T P A A S T S D D V P W P V
A P R H R R P P V R A T T S P G P C

ACG GCC AGC CAC TGC AGC CCC GCC GTG AGC ACG ACA GCA GCT GCC CGG TCC CGT
48285 48294 48303 48312 48321 48330
TGC CGG TCG GTG ACG TCG GGG CGG CAC TCG TGC TGT CGT CGA CGG GCC AGG GCA

C R S V T S G R H S C C R R R A R A
A G R * R R G G T R A V V D G P G H
P V G D V G A A L V L S S T G Q G T

G Q V V H P G H Q A P E G L G L A P
E R F S M P A T S R Q N V S A L L R
R G S R C P P R A A S T * R P W S G

GGA GGG ACT TGC TGT ACC CCC GGC ACG ACG CGA CCA AGT GGC TCC GGT TCT CGG
48339 48348 48357 48366 48375 48384
CCT CCC TGA ACG ACA TGG GGG CCG TGC TGC GCT GGT TCA CCG AGG CCA AGA GCC

P P * T T W G P C C A G S P R P R A
L P E R H G G R A A L V H R G Q E P
S L N D M G A V L R W F T E A K S R

V L Q R C V P R G Q P V Q G P P A A
C W S V A C R V G R R S R G P H R P
A G V S P V G S A G A P G A R T A R

CCG TGG TTG ACT GCC GTG TGG CCT GCG GGG ACG CCC TGG ACG GGC CCA CCG CGC
48393 48402 48411 48420 48429 48438
GGC ACC AAC TGA CGG CAC ACC GGA CGC CCC TGC GGG ACC TGC CCG GGT GGC CGC

G T N * R H T G R P C G T C P G G A
A P T D G T P D A P A G P A R V A R
H Q L T A H R T P L R D L P G W R G

S R L L D G V L V P P V E A D D P H
V G S C I V W S S P R C K L M M P T
C E P A S * G R P R A A S * C * R P

CGT GAG GCC TCG TCT AGT GGG TGC TCC TGC CCG CCG TGA AGT CGT AGT AGC CCC

48447 48456 48465 48474 48483 48492
 GCA CTC CGG AGC AGA TCA CCC ACG AGG ACG GGC GGC ACT TCA GCA TCA TCG GGG

 A L R S R S P T R T G G T S A S S G
 H S G A D H P R G R A A L Q H H R G
 T P E Q I T H E D G R H F S I I G V

 G G L D T V A L H G F P V L R Q Q E
 V A W T P S R S T A S H S W G S S N
 S R G P R H G R P P R I P G A A A T

 ACT GGC GGG TCC AGC CAC TGG CGC TCC ACC GGC TTA CCC TGG TCG GCG ACG ACA
 48501 48510 48519 48528 48537 48546
 TGA CCG CCC AGG TCG GTG ACC GCG AGG TGG CCG AAT GGG ACC AGC CGC TGC TGT

 * P P R S V T A R W P N G T S R C C
 D R P G R * P R G G R M G P A A A V
 T A Q V G D R E V A E W D Q P L L F

 R L P A S D D R E H D L D D F P D R
 G C P R P T T A N T I L T M S P T A
 G A P A R L R R T R S * P * R L P R

 GCG GCG TCC CCG CGC CTC AGC AGC GCA AGC ACT AGT TCC AGT AGC TTC CCC AGC
 48555 48564 48573 48582 48591 48600
 TCC CGC AGG GGC GCG GAG TCG TCG CGT TCG TGA TCA AGG TCA TCG AAG GGG TCG

 S R R G A E S S R S * S R S S K G S
 P A G A R S R R V R D Q G H R R G R
 P Q G R G V V A F V I K V I E G V A

 V Q E D V G P E L G A Q Q V A H L H
 C R S T W A R N W G P R S S P M S I
 A G A R G R G T G A R G A P R C P S

 GCG TGG ACG AGC AGG TGC GGG CCA AGG TCG GGC CGG ACG ACC TGC CGT ACC TCT
 48609 48618 48627 48636 48645 48654
 CGC ACC TGC TCG TCC ACG CCC GGT TCC AGC CCG GCC TGC TGG ACG GCA TGG AGA

 R T C S S T P G S S P A C W T A W R
 A P A R P R V P A R P A G R H G D
 H L L V H A R F Q P G L L D G M E M

 A R G H L A D R L V I R L P R R P E
 P G V T C H T G S F * G C P G G R N
 P G S R A T R G P S S D A L A A A T

 ACC CGG GCT GGC ACG TCA CGC AGG GCC TCT TGA TAG GCG TTC CCG GCG GCG CCA
 48663 48672 48681 48690 48699 48708
 TGG GCC CGA CCG TGC AGT GCG TCC CGG AGA ACT ATC CGC AAG GGC CGC CGC GGT

 W A R P C S A S R R T I R K G R R G
 G P D R A V R P G E L S A R A A A V
 G P T V Q C V P E N Y P Q G P P R F

 E V V D Q G S G R L A E E V T G D Q
 R S * T R V A E G S R R R * L A T R

G R S R G S R K G P A G G R C H R G
 AGG AGC TGA TGC AGG ACT GGC GAA GGG GCC TCG CGG AGG AGA TGT CAC GGC AGG
 48717 48726 48735 48744 48753 48762
 TCC TCG ACT ACG TCC TGA CCG CTT CCC CGG AGC GCC TCC TCT ACA GTG CCG TCC
 S S T T S * P L P R S A S S T V P S
 P R L R P D R F P G A P P L Q C R P
 L D Y V L T A S P E R L L Y S A V L
 G L L A P A E V V R L V A I E Q D L
 A S S P P R K * W E C F L * R R T S
 P R P P R A S R G S A S C S D G P R
 ACC GGC TCC TCC CGC CCG CGA AGA TGG TGA GCG TCT TGT CGA TAG AGG ACC AGC
 48771 48780 48789 48798 48807 48816
 TGG CCG AGG AGG GCG GGC GCT TCT ACC ACT CGC AGA ACA GCT ATC TCC TGG TCG
 W P R R A G A S T T R R T A I S W S
 G R G G R A L L P L A E Q L S P G R
 A E E G G R F Y H S Q N S Y L L V E
 G V V V E G Y G D G I V V A P H G G
 A S S S K G T A T G S S * Q Q T V A
 P R R R S G R L R G R H S S S P S R
 TCC GGC TGC TGC TGA AGG GGC ATC GGC AGG GGC TAC TGA TGA CGA CCC ACT GGC
 48825 48834 48843 48852 48861 48870
 AGG CCG ACG ACG ACT TCC CCG TAG CCG TCC CCG ATG ACT ACT GCT GGG TGA CCG
 R P T T T S P * P S P M T T A G * P
 G R R R L P R S R P R * L L L G D R
 A D D D F P V A V P D D Y C W V T A
 V L E G P E Q P V A V V D V D L G P
 W W S V R S R R C P * * T L T S A R
 G G A * G A G A A R S S R * R R P G
 GGG TGG TCG AGT GGG CCG AGG ACG CCG TGC CGA TGA TGC AGT TGC AGC TCC GGG
 48879 48888 48897 48906 48915 48924
 TCC ACC AGC TCA CCC GGC TCC TGC GGC ACG GCT ACT ACG TCA ACG TCG AGG CCC
 P T S S P G S C G T A T T S T S R P
 P P A H P A P A A R L L R Q R R G P
 H Q L T R L L R H G Y Y V N V E A R
 A Q E G A Q L T P S G M F F S R G T
 L R S A Q R C L Q H G W S S R A D R
 S G A R R G A S N T V G H L V L T G
 CCT CGG ACG AGC GGA CCG ACG TCT CAA CCA CTG GGG TAC TTC TTG CTC GCA GGG
 48933 48942 48951 48960 48969 48978
 GGA GCC TGC TCG CCT GCC TGC AGA GTT GGT GAC CCC ATG AAG AAC GAG CGT CCC
 G A C S P A C R V G D P (M) K N E R P
 E P A R L P A E L V T P * R T S V P
 S L L A C L Q S W * P H E E R A S R

R S P M R P Q E S M A R R R V R G A
 A A P C E R S S R C R G V G Y G A P
 H P Q A N E A A G V D G S A T G Q R

 CAC GCC GAC CCG TAA GAG CCG ACG AGG CTG TAG CGG GCT GCG GCA TGG GAC GGC
 48987 48996 49005 49014 49023 49032
 GTG CGG CTG GGC ATT CTC GGC TGC TCC GAC ATC GCC CGA CGC CGT ACC CTG CCG

 V R L G I L G C S D I A R R R T L P
 C G W A F S A A P T S P D A V P C R
 A A G H S R L L R H R P T P Y P A G

 A S F T G S S V T V A T A E R L S S
 R A S P A P A S P S R R R R G S R P
 G R Q L H R L Q R H G G D G G P A L

 CGG CGC GAC TTC CAC GGC CTC GAC TGC CAC TGG CGG CAG CGG AGG GCC TCG CTC
 49041 49050 49059 49068 49077 49086
 GCC GCG CTG AAG GTG CCG GAG CTG ACG GTG ACC GCC GTC GCC TCC CGG AGC GAG

 A A L K V P E L T V T A V A S R S E
 P R * R C R S * R * P P S P P G A R
 R A E G A G A D G D R R R L P E R G

 L A R A T A A R N P P S A T T P * S
 C R G H P R R A T R R R P R R S R
 V V G T R D G R P E A A L G D D A V

 CTG TTG CGG GCA CGC CAG CGG CGC GCC AAG CCG CCG CTC CGG CAG CAG CCG ATG
 49095 49104 49113 49122 49131 49140
 GAC AAC GCC CGT GCG GTC GCC GCG CGG TTC GGC GGC GAG GCC GTC GTC GGC TAC

 D N A R A V A A R F G G E A V V G Y
 T T P V R S P R G S A A R P S S A T
 Q R P C G R R A V R R R G R R R L R

 A S S S L G S T S A T * T E R G V P
 P A A P S G P H R R P R R R G A W R
 L R Q Q L A R I D V R D V D G Q G G

 CTC CGC GAC GAC CTC TCG GGC CTA CAG CTG CGC CAG ATG CAG AGG GAC GGC TGG
 49149 49158 49167 49176 49185 49194
 GAG GCG CTG CTG GAG AGC CCG GAT GTC GAC GCG GTC TAC GTC TCC CTG CCC ACC

 E A L L E S P D V D A V Y V S L P T
 R R C W R A R M S T R S T S P C P P
 G A A G E P G C R R G L R L P A H R

 S C W S Q I T R A R R A P F C T S A
 V A G R S S R A R G A R P F A R A R
 S Q V V V P D H A G Q A R S L V H E

 CCT GAC GTG GTG CTG ACC TAG CAC GCG CGG GAC GCG CGC CCT TTC GTG CAC GAG
 49203 49212 49221 49230 49239 49248
 GGA CTG CAC CAC GAC TGG ATC GTG CGC GCC CTG CGC GCG GGA AAG CAC GTG CTC

G L H H D W I V R A L R A G K H V L
D C T T T G S C A P C A R E S T C S
T A P R L D R A R P A R G K A R A R

S F G S V A R * G S V T V A T R R A
P S A A S R G S G P C R S P P G G R
R L L R Q G G A V R V G H R R D A E

CGC CTC TTC GGC GAC TGG CGG GCG ATG GGC CTG TGG CAC TGC CGC CAG GCG GAG
49257 49266 49275 49284 49293 49302
GCG GAG AAG CCG CTG ACC GCC CGC TAC CCG GAC ACC GTG ACG GCG GTC CGC CTC

A E K P L T A R Y P D T V T A V R L
R R S R * P P A T R T P * R R S A S
G E A A D R P L P G H R D G G P P R

S E R P R V S I S F R V K V W C E S
P S G R G S A S P S G S R * G A S A
R V G A A Q R Q H L V Q G E G L V R

CGC CTG AGG GCG CCG GAC TGC GAC TAC CTC TTG GAC TGG AAG TGG GTC GTG AGC
49311 49320 49329 49338 49347 49356
GCG GAC TCC CGC GGC CTG ACG CTG ATG GAG AAC CTG ACC TTC ACC CAG CAC TCG

A D S R G L T L M E N L T F T Q H S
R T P A A * R * W R T * P S P S T R
G L P R P D A D G E P D L H P A L A

C S A T R S I S S S P P M P S S R E
A R R R A R S A P R P R C R H V A S
Q V V G H A L H Q V L A A D T F Q A

GAC GTG CTG CGG CAC GCG CTC TAC GAC CTG CTC CCG CCG TAG CCA CTT GAC GCG
49365 49374 49383 49392 49401 49410
CTG CAC GAC GCC GTG CGC GAG ATG CTG GAC GAG GGC GGC ATC GGT GAA CTG CGC

L H D A V R E M L D E G G I G E L R
C T T P C A R C W T R A A S V N C A
A R R R A R D A G R G R H R * T A L

R V L S N P N G G S G G P L T R Y W
G * W R T R G A V A E R C R G T G
G E G A L E P E R W Q R G A V D P V

AGG GAG TGG TCG CTC AAG CCC AAG GGC GGT GAC GGA GGG CCG TTG CAG GCC ATG
49419 49428 49437 49446 49455 49464
TCC CTC ACC AGC GAG TTC GGG TTC CCG CCA CTG CCT CCC GGC AAC GTC CGG TAC

S L T S E F G F P P L P P G N V R Y
P S P A S S G S R H C L P A T S G T
P H Q R V R V P A T A S R Q R P V P

G S S A P P L R S S A P T Y G S A A
A P A P R R C G A P R P R T D A R R
L R L Q G A A A Q Q V R A H I R E G

GTC GGC CTC GAC CGG CCG CCG TCG GAC GAC CTG CGC CCG CAC ATA GGC GAG CGG

49473 49482 49491 49500 49509 49518
 CAG CCG GAG CTG GCC GGC GGC AGC CTG CTG GAC GCG GGC GTG TAT CCG CTC GCC

 Q P E L A G G S L L D A G V Y P L A
 S R S W P A A A C W T R A C I R S P
 A G A G R R Q P A G R G R V S A R R

 A L M N R P G S R S T T P A V S R I
 P S C T G R A R G R H P R P S A A S
 R R A H E E P G V E I H D P R R Q P

 CGC CGC TCG TAC AAG GAG CCC GGG CTG GAG CTA CAC CAG CCC CGC TGC GAC GCC
 49527 49536 49545 49554 49563 49572
 GCG GCG AGC ATG TTC CTC GGG CCC GAC CTC GAT GTG GTC GGG GCG ACG CTG CGG

 A A S M F L G P D L D V V G A T L R
 R R A C S S G P T S M W S G R R C G
 G E H V P R A R P R C G R G D A A D

 P V S A F T S T A P S A S S H A G S
 P F R P S L R R P P R R A A T H A R
 H S G L R F D V H R A V R Q Q T R G

 AC CCT TGG CTC CGC TTT CAG CTG CAC CGC CCG CTG CGC GAC GAC ACA CGC GGG
 49581 49590 49599 49608 49617 49626
 ATG GGA ACC GAG GCG AAA GTC GAC GTG GCG GGC GAC GCG CTG CTG TGT GCG CCC

 M G T E A K V D V A G D A L L C A P
 W E P R R K S T W R A T R C C V R P
 G N R G E S R R G G R R A A V C A R

 P R V A C T D K P K S C A * R Q A Y
 R G C P V R T R R S R A R R G S R T
 V A A R C V H G E A E L V G V A A R

 CTG CCG GCG TGC CGT GTG CAC AGG AAG CCG AAG CTC GTG CGG ATG GCG ACG CGC
 49635 49644 49653 49662 49671 49680
 GAC GGC CGC ACG GCA CAC GTG TCC TTC GGC TTC GAG CAC GCC TAC CGC TGC GCG

 D G R T A H V S F G F E H A Y R C A
 T A A R H T C P S A S S T P T A A R
 R P H G T R V L R L R A R L P L R V

 V S H P L S P R I M T S R A K V G G
 C A T P S R P G S * R R G H R * G A
 V R Q P P A L A P D D D V T G E G R

 ATG TGC GAC ACC CCC TCG CTC CCG GCC TAG TAG CAG CTG GCA CGG AAG TGG GGC
 49689 49698 49707 49716 49725 49734
 TAC ACG CTG TGG GGG AGC GAG GGC CGG ATC ATC GTC GAC CGT GCC TTC ACC CCG

 Y T L W G S E G R I I V D R A F T P
 T R C G G A R A G S S S T V P S P R
 H A V G E R G P D H R R P C L H P A

 G S K R G V T R S S R A S S T R S R
 A R S G G W P E A P V R R R P A R A

R G V E A G R N P Q F A G V L H A L

GGC GGG CTG AAG GCG GGG TGC CAA GCC GAC CTT GCG CGG CTG CTC CAC GCG CTC
49743 49752 49761 49770 49779 49788
CCG CCC GAC TTC CGC CCC ACG GTT CGG CTG GAA CGC GCC GAC GAG GTG CGC GAG

P P D F R P T V R L E R A D E V R E
R P T S A P R F G W N A P T R C A S
A R L P P H G S A G T R R R G A R A

T R G A S S W N A P V R A H K T R A
R G A P R R G T R R C G R T S R G P
A D Q R G V V L E G A G E R A E D P

GCG CAG GAC GGC CGG CTG CTG GTC AAG CGG CCG TGG GAG CGC ACG AAG CAG GCC
49797 49806 49815 49824 49833 49842
CGC GTC CTG CCG GCC GAC GAC CAG TTC GCC GGC ACC CTC GCG TGC TTC GTC CGG

R V L P A D D Q F A G T L A C F V R
A S C R P T T S S P A P S R A S S G
R P A G R R P V R R H P R V L R P G

T V P P P D A A C L A S T M A R A R
R * R R R T P P A C R R H * R V P G
G D G A A P R R R V A G I D D C P G

CGG CAG TGG CCG CCG CCC AGC CGC CGC GTG TCG CGG CTA CAG TAG CGT GCC CGG
49851 49860 49869 49878 49887 49896
GCC GTC ACC GGC GGC GGG TCG GCG GCG CAC AGC GCC GAT GTC ATC GCA CGG GCC

A V T G G G S A A H S A D V I A R A
P S P A A G R R R T A P M S S H G P
R H R R R V G G A Q R R C H R T G P

N T L * T C P R A R S S P L P Q D P
I P L D P A P G P V A A R C R S T L
S Q Y T L H L A P C P Q E A V A P *

GCT AAC CAT TCA GTC CAC GTC CCG GCC CGT GCC GAC GAG CCG TTG CCG ACC AGT
49905 49914 49923 49932 49941 49950
CGA TTG GTA AGT CAG GTG CAG GGC CGG GCA CGG CTG CTC GGC AAC GGC TGG TCA

R L V S Q V Q G R A R L L G N G W S
D W * V R C R A G H G C S A T A G Q
I G K S G A G P G T A A R Q R L V R

P A S P R H A R A R E R P Q H S P T
L L L H G I L A L A N E H S T P R P
S S C I A S S R S R T R T A P P V P

CCT CCT CGT CTA CCG GCT ACT CGC GCT CGC GCA AGA GCA CCG ACC ACC CTG CCC
49959 49968 49977 49986 49995 50004
GGA GGA GCA GAT GGC CGA TGA GCG CGA GCG CGT TCT CGT GGC TGG TGG GAC GGG

G G A D G R * A R A R S R G W W D G
E E Q M A D E R E R V L V A G G T G
R S R W P M S A S A F S W L (V) G R G

R P G D A T R P G S R P R L R P P P
E H A T L Q A R V Q G R G S G L H R
N T P R * S H A S R V A A P A S T A

CAA GCA CCC GGC AGT CGA CAC GCG CCT GGA CTG GCG CCG GCC TCG GCT CCA CCG
50013 50022 50031 50040 50049 50058
GTT CGT GGG CCG TCA GCT GTG CGC GGA CCT GAC CGC GGC CGG AGC CGA GGT GGC

V R G P S A V R G P D R G R S R G G
F V G R Q L C A D L T A A G A E V A
S W A V S C A R T * P R P E P R W R

S R G A P V P S G G A P G A G R G P
R D G P P Y R V E G Q R A P E E D Q
A I A R R T G S K G R G P R S R T R

CCG CTA GCG GGC CGC CCA TGG CCT GAA GGG GGA CGG CCC GGC CGA GGA GCA GGA
50067 50076 50085 50094 50103 50112
GGC GAT CGC CCG GCG GGT ACC GGA CTT CCC CCT GCC GGG CCG GCT CCT CGT CCT

G D R P A G T G L P P A G P A P R P
A I A R R V P D F P L P G R L L V L
R S P G G Y R T S P C R A G S S S W

R * W R T A R P V P R R S R S R G G
V D G G R R G P F Q G V H D V G D A
S T V V A D G P S S A S T I S E T R

CCT GCA GTG GTG GCG CAG CGG GCC CCT TGA CCG GCT GCA CTA GCT GAG GCA GGC
50121 50130 50139 50148 50157 50166
GGA CGT CAC CAC CGC GTC GCC CGG GGA ACT GGC CGA CGT GAT CGA CTC CGT CCG

G R H H R V A R G T G R R D R L R P
D V T T A S P G E L A D V I D S V R
T S P P R R P G N W P T * S T P S A

A C P P * R W R C C S P S R R V P C
R V R H D V G D A A V P P D G F P V
G C V T T L A M P L L Q P I A S R S

GGG CGT GTG CCA CCA GTT GCG GTA GCC GTC GTT GAC CCC CTA GCG GCT TGC CCT
50175 50184 50193 50202 50211 50220
CCC GCA CAC GGT GGT CAA CGC CAT CGG CAG CAA CTG GGG GAT CGC CGA ACG GGA

P A H G G Q R H R Q Q L G D R R T G
P H T V V N A I G S N W G I A E R D
R T R W S T P S A A T G G S P N G T

P S W S R P A S G G G A P R A A A S
H L G V A R H R G A A Q Q V R Q P P
M S V L Q A T G V R R R S S A S R R

GTA CCT CTG GTT GAC GCG CCA CGG CTG GGC GGC GGA CGA CCT GCG CGA CGC CGC
50229 50238 50247 50256 50265 50274
CAT GGA GAC CAA CTG CGC GGT GCC GAC CCG CCG CCT GCT GGA CGC GCT GCG GCG

H G D Q L R R G A D P P A G R A A A
 M E T N C A V P T P R R L L D A L R R
 W R P T A R C R P A A C W T R C G G
 R T G D R R R G G R S L A P T R G S
 G R A T G V D D V E A * H Q L V A R
 V A H R G * T T W R P E T S S Y P G

 CTG GCG CAC GGC AGG GAT GCA GCA GGT GGA GCC GAG TCA CGA CCT CAT GCC GGG
 50283 50292 50301 50310 50319 50328
 GAC CGC GTG CCG TCC CTA CGT CGT CCA CCT CGG CTC AGT GCT GGA GTA CGG CCC

 D R V P S L R R P P R L S A G V R P
 T A C R P Y V V H L G S V L E Y G P
 P R A V P T S S T S A Q C W S T A R

 G A R H V S G S R T A A G A S S R R
 G R G T F R G P G R R R G P R R G G
 V G G P S G V R V A D G G R G V V A

 CTG GGG CGG GCC ACT TGG CTG GGC CTG GCG CAG CGG CGG GGC CGG CTG CTG GCG
 50337 50346 50355 50364 50373 50382
 GAC CCC GCC CGG TGA ACC GAC CCG GAC CGC GTC GCC GCC CCG GCC GAC GAC CGC

 D P A R * T D P D R V A A P A D D R
 T P P G E P T R T A S P P R P T T A
 P R P V N R P G P R R R P G R R P P

 R C P W V R P S G P R A P P R R P P
 V A L G F E R R A L G H Q L G G R L
 * P L A L S A A L W A T S S A A A S

 GAT GCC GTT CCG GTT TGA GCG CCG CTC GGT CCG GCA CGA CCT CCG GCG GCG CCT
 50391 50400 50409 50418 50427 50436
 CTA CGG CAA GGC CAA ACT CGC GGC GAG CCA GGC CGT GCT GGA GGC CGC CGC GGA

 L R Q G Q T R G E P G R A G G R R G
 Y G K A K L A A S Q A V L E A A A E
 T A R P N S R R A R P C W R P P R R

 R R P P P R A A S R W R P R A P C G
 A D H L R A H Q P D G V H G P R A G
 P T T S A P T S R I A L T A P G P V

 CCC GCA GCA CCT CCG CCC GCA CGA CGC CTA GCG GTT GCA CCG GCC CGG CCC GTG
 50445 50454 50463 50472 50481 50490
 GGG CGT CGT GGA GGC GGG CGT GCT GCG GAT CGC CAA CGT GGC CGG GCC GGG CAC

 G R R G G G R A A D R Q R G R A G H
 G V V E A G V L R I A N V A G P G T
 A S W R R A C C G S P T W P G R A P

 P P * G A R G P P R A A R R P P * G
 R R D A Q E A P H G P P E G L R D G
 G A T L R S P R T A P R S A S A T V

 GGG CCG CCA GTC GGA CGA GCC GGC CCA CCG GCC CGC CGA GCG GCT CCG CCA GTG

50499 CCC GGC GGT CAG CCT GCT CGG CCG GGT GGC CGG GCG GCT CGC CGA GGC GGT CAC
 50508 P G G Q P A R P G G R A A R R G G H
 50517 P A V S L L G R V A G R L A E A V T
 50526 R R S A C S A G W P G G S P R R S P
 50535 P C A G P P R P A T G T A R G G R S
 50544 P V H E R R D H L Q G L Q A G V A V
 R S M S G A T T S S D W N R A W R S
 GGC CCT GTA CGA GGG CCG CCA GCA CCT CGA CAG GGT CAA CGC GCG GGT GGC GCT
 50553 50562 50571 50580 50589 50598
 CCG GGA CAT GCT CCC GGC GGT CGT GGA GCT GTC CCA GTT GCG CGC CCA CCG CGA
 P G H A P G G R G A V P V A R P P R
 R D M L P A V V E L S Q L R A H R D
 G T C S R R S W S C P S C A P T A T
 R R R A R R R P R P A P R W G R G Y
 V D V H A V D R V R H Q G G G A G T
 * T S T R S T E S A T S A A V R A R
 GAT GCA GCT GCA CGC GCT GCA GAG CCT GCG CCA CGA CCG GCG GTG GGC GCG GGC
 50607 50616 50625 50634 50643 50652
 CTA CGT CGA CGT GCG CGA CGT CTC GGA CGC GGT GCT GGC CGC CAC CCG CGC CCG
 L R R R A R R L G R G A G R H P R P
 Y V D V R D V S D A V L A A T R A R
 T S T C A T S R T R C W P P P A P V
 E P A P R G W R V R R P R A P A T A
 N R P Q D D G D S A A L G H R H P P
 I G P S T T G M P R P S A T G T R H
 ATA AGG CCC CGA CCA GCA GGG GTA GCC TGC GCC GCT CCG GCA CGG CCA CGC CAC
 50661 50670 50679 50688 50697 50706
 TAT TCC GGG GCT GGT CGT CCC CAT CGG ACG CGG CGA GGC CGT GCC GGT GCG GTG
 Y S G A G R P H R T R R G R A G A V
 I P G L V V P I G R G E A V P V R W
 F R G W S S P S D A A R P C R C G G
 R R D A R R P S R R A R R P G P A E
 E D I Q E D L H A A H G G L D P L K
 S T S R S T S T L P T G A S T R S S
 CGA GCA GCT AGA CGA GCA GCT CCA CTC GCC GCA CGG GCG GCT CCA GGC CCT CGA
 50715 50724 50733 50742 50751 50760
 GCT CGT CGA TCT GCT CGT CGA GGT GAG CGG CGT GCC CGC CGA GGT CCG GGA GCT
 A R R S A R R G E R R A R R G P G A
 L V D L L V E V S G V P A E V R E L
 S S I C S S R * A A C P P R S G S F
 R R R W P R P R P R S S G P R G R A
 G G G G R A R G P V V P D L D V G P

G A A A V P A A P S S Q I W T S G P
 AGG GCG GCG GCG GTG CCC GCG CCG GCC CCT GCT GAC CTA GGT CCA GCT GGG GCC
 50769 50778 50787 50796 50805 50814
 TCC CGC CGC CGC CAC GGG CGC GGC CGG GGA CGA CTG GAT CCA GGT CGA CCC CGG
 S R R R H G R G R G R L D P G R P R
 P A A A T G A A G D D W I Q V D P G
 P P P P R A R P G T T G S R S T P G
 R G R V G R S S R R G S A A R T P S
 G G A F E E A P G G D A R Q V L R H
 G A R S S R P Q V A T R E S C S D T
 CGG GCG GGC GCT TGA GGA GCC GAC CTG GCG GCA GGC GAG CGA CGT GCT CAG CCA
 50823 50832 50841 50850 50859 50868
 GCC CGC CCG CGA ACT CCT CGG CTG GAC CGC CGT CCG CTC GCT GCA CGA GTC GGT
 A R P R T P R L D R R P L A A R V G
 P A R E L L G W T A V R S L H E S V
 P P A N S S A G P P S A R C T S R *
 R A T P R C A A C A P L G G A R P A
 G P Q P G V R Q A P L C D G L V R L
 V P S H A S V S R L C A I G W C A S
 CTG GCC CGA CAC CCG GCT GTG CGA CGC GTC CGT CCG TTA GGG GGT CGT GCG CCT
 50877 50886 50895 50904 50913 50922
 GAC CGG GCT GTG GGC CGA CAC GCT GCG CAG GCA GGC AAT CCC CCA GCA CGC GGA
 D R A V G R H A A Q A G N P P A R G
 T G L W A D T L R R Q A I P Q H A E
 P G C G P T R C A G R Q S P S T R S
 A A T R P G T T L N G D A A G G A R
 R P R G L G Q R * I G T Q R A A R G
 G* R G D * A R D D S E R R G R R G G
 CGG CGC CGG CAG GAT CCG GGA CAG CAG TCT AAG GGC AGA CGG CGC GGC GGG CGG
 50931 50940 50949 50958 50967 50976
 CCG GCG GCC GTC CTA GGC CCT GTC GTC AGA TTC CCG TCT GCC GCG CCG CCC GCC
 A A A V L G P V V R F P S A A P P A
 P R P S * A L S S D S R L P R R P P
 R G R P R P C R Q I P V C R A A R P
 R A S S P F E V V P G L P R R A F G
 G P P R R S N S S L A W R A A R L A
 E P R V V P I R R C P G A P P A C L
 GAG GCC CGC CTG CTG CCC TTA AGC TGC TGT CCC GGG TCG CCC GCC GCG CGT TTC
 50985 50994 51003 51012 51021 51030
 CTC CGG GCG GAC GAC GGG AAT TCG ACG ACA GGG CCC AGC GGG CGG CGC GCA AAG
 L R A D D G N S T T G P S G R R A K
 S G R T T G I R R Q G P A G G A Q S
 P G G R R E F D D R A Q R A A R K A

F A R S Q V A G S W V D G H G E L H
 L R G L S S R V V G C T G T G R L T
 W V G S V P G C W E V R G R A G * P

 GGT TTG CGG GCT CTG ACC TGG CGT GGT GAG GTG TGC AGG GGC ACG GGG AGT TCC
 51039 51048 51057 51066 51075 51084
 CCA AAC GCC CGA GAC TGG ACC GCA CCA CTC CAC ACG TCC CCG TGC CCC TCA AGG

 P N A R D W T A P L H T S P C P S R
 Q T P E T G P H H S T R P R A P Q G
 K R P R L D R T T P H V P V P L K V

 * R R G A A R R R T R G C W R V G A
 D G G G P P V G G R V G A G A S A Q
 T V A A R R C A E A Y A R V L P R R

 ACA GTG GCG GCG GGC CGC CGT GCG GAG GCG CAT GCG GGC GTG GTC GCC TGC GGA
 51093 51102 51111 51120 51129 51138
 TGT CAC CGC CGC CCG GCG GCA CGC CTC CGC GTA CGC CCG CAC CAG CGG ACG CCT

 C H R R P A A R L R V R P H Q R T P
 V T A A R R H A S A Y A R T S G R L
 S P P P G G T P P R T P A P A D A C

 T R G A G R W P S G A R R S G A Y R
 R G G P A V G P R V P E A L A R T G
 G D E R R W A L A F R S P S L G R V

 CGG CAG GAG GGC CGC GGT GCG GTC CCG CTT GGC CGA GCC GCT CTC GGG CGC ATG
 51147 51156 51165 51174 51183 51192
 GCC GTC CTC CCG GCG CCA CGC CAG GGC GAA CCG GCT CGG CGA GAG CCC GCG TAC

 A V L P A P R Q G E P A R R E P A Y
 P S S R R H A R A N R L G E S P R T
 R P P G A T P G R T G S A R A R V P

 V P R * G A S A S * R P T A R R W S
 S P D D G R R P Q D A P R Q G D G R
 P R T T V G G L S I L P A N G T A V

 GCC TGC CCA GCA GTG GGG CGG CTC CGA CTA GTC GCC CCG CAA CGG GCA GCG GTG
 51201 51210 51219 51228 51237 51246
 CGG ACG GGT CGT CAC CCC GCC GAG GCT GAT CAG CGG GGC GTT GCC CGT CGC CAC

 R T G R H P A E A D Q R G V A R R H
 G R V V T P P R L I S G A L P V A T
 D G S S P R R G * S A G R C P S P R

 A S A S G Q S W P S R P T C L C I G
 P L H R A R R G P A E R R V S A S A
 L C I G L G A V L P K E A Y L P L H

 CTC CGT CTA CGG CTC GGG ACG CTG GTC CCC GAA GAG CCG CAT GTC TCC GTC TAC
 51255 51264 51273 51282 51291 51300
 GAG GCA GAT GCC GAG CCC TGC GAC CAG GGG CTT CTC GGC GTA CAG AGG CAG ATG

E A D A E P C D Q G L L G V Q R Q M C
R Q M P S P A T R G G F S A Y R G R C
G R C R A L R P G A S R R T E A D A
L G A V L P K E A Y L P V F N T R S
S G Q S W P S R P T C R F S T R G P
R A R R G P A E R R V A S R L E D Q

GGC TCG GGA CGC TGG TCC CCG AAG AGC CGC ATG TCG CCT TGC TTC AAG CAG GAC
51309 51318 51327 51336 51345 51354
CCG AGC CCT GCG ACC AGG GGC TTC TCG GCG TAC AGC GGA ACG AAG TTC GTC CTG

P S P A T R G F S A Y S G T K F V L
R A L R P G A S R R T A E R S S S W
E P C D Q G L L G V Q R N E V R P G
P R D S P S A S S T A S K P M L T S
P G T R P A R P R P R R S R C * P A
L A Q G L P E R V L D G V E A D L H

CTC CCG GAC AGG CTC CCC GAG CGC CTG CTC CAG CGG CTG AAG CCG TAG TTC CAC
51363 51372 51381 51390 51399 51408
GAG GGC CTG TCC GAG GGG CTC GCG GAC GAG GTC GCC GAC TTC GGC ATC AAG GTG

E G L S E G L A D E V A D F G I K V
R A C P R G S R T R S P T S A S R C
G P V R G A R G R G R R L R H Q G A
I T S G P E K R V E S N S V P R A P
S R R A P N R G C R A T R S P V P R
Q D D L R T G E A G R Q E L R S P G

GAC TAG CAG CTC GGC CCA AGG AAG GCG TGG AGC GAC AAG CTC TGC CCT GCC CGG
51417 51426 51435 51444 51453 51462
CTG ATC GTC GAG CCG GGT TCC TTC CGC ACC TCG CTG TTC GAG ACG GGA CGG GCC

L I V E P G S F R T S L F E T G R A
* S S S R V P S A P R C S R R D G P
D R R A G F L P H L A V R D G T G R
A L V S L P R Y G F T L R V R P K T
P W C P C R G T G S P S G S G R S R
P G A R V A A Q V R L H A P G A A E

CCC CGG TCG TGC CTG TCG CCG GAC ATG GGC TTC CAC TCG GCC TGG GCG CCG AAG
51471 51480 51489 51498 51507 51516
GGG GCC AGC ACG GAC AGC GGC CTG TAC CCG AAG GTG AGC CGG ACC CGC GGC TTC

G A S T D S G L Y P K V S R T R G F
G P A R T A A C T R R * A G P A A S
G Q H G Q R P V P E G E P D P R L R
E P P S P E W G P S G A F A A A S I
R R R R R S G A R R G P S P P P A S
D G A A V A G L G A V R R L R R R Q

CAG AGG CCG CCG CTG CCG AGG GTC GGG CCG CTG GGC CGC TTC CGC CGC CGC GAC

51525	51534	51543	51552	51561	51570
GTC TCC GGC GGC	GAC GGC TCC	CAG CCC GGC	GAC CCG GCG	AAG GCG GCG	GCG GCG CTG
V S G G	D G S Q	P G D P	A K A A	A A L	*
S P A A	T A P S	P A T R	R R R R	R R R	*
L R R R	R L P A	R R P G	E G G G	G A D	
R A A S	S A S S	V G S R	S G N P	S S	
G P R A	P P P R	S G A A	A A T P	R R	
D Q G R	Q L R V	L G R Q	P Q R Q	A V	
TAG GAC CGG CGC	GAC CTC CGC	CTG CTC TGG	GGC GAC GCC	GAC GGC AAC	CCG CTG
51579	51588	51597	51606	51615	51624
ATC CTG GCC GCG	CTG GAG GCG	GAC GAG ACC	CCG CTG CCG	CTG CCG TTG	GGC GAC
I L A A	L E A D	E T P L	R L P L	G D	
S W P R	W R R T	R P R C	G C R W	A T	
P G R A	G G G R	D P A A	A A V G	R R	
P T V A	T S P *	R S * T	R L S M	V V	
R P * Q	R A R D	G R D P	A C R C	* S	
V P D S	G H E T	V E I L	H A V V	D R	
CTG CCC CAG TGA	CGG CAC GAG	CCA GTG GAG	CTA GTC CAC	GCG TTG CTG	TAG TGC
51633	51642	51651	51660	51669	51678
GAC GGG GTC ACT	GCC GTG CTC	GGT CAC CTC	GAT CAG GTG	CGC AAC GAC	ATC ACG
D G V T	A V L G	H L D Q	V R N D	I T	
T G S L	P C S V	T S I R	C A T T	S R	
R G H C	R A R S	P R S G	A Q R H	H D	
H S F R	V L A V	P K S S	Q P W R	G R	
T P S A	S W P S	P S R R	S L G G	A A	
R P L L	P G P R	R A E V	V S A V	P R	
TGC ACC CTC TTC	GCC TGG TCC	CGC TGC CCG	AAG CTG CTG	ACT CCG GTG	GCC GGC
51687	51696	51705	51714	51723	51732
ACG TGG GAG AAG	CGG ACC AGG	GCG ACG GGC	TTC GAC GAC	TGA GGC CAC	CGG CCG
W E K R	T R A T	G F D D	* G H R	P	
R G R S	G P G R	R A S T	T E A T	G R	
V G E A	D Q G D	G L R R	L R P P	A A	
L L P Q	P A G F	G G G V	R A E M	S S	
C F L N	P P A S	D A G *	G R K W	P P	
A F S T	P P R R	I R G R	G E S G	H L	
GCG TTT TCT CCA	ACC CCC CGC	GGC TTA GGC	GGG GGA TGG	GAG CGA AGG	TAC CTC
51741	51750	51759	51768	51777	51786
CGC AAA AGA GGT	TGG GGG GCG	CCG AAT CCG	CCC CCT ACC	CTC GCT TCC	ATG GAG
R K R G	W G A P	N P P P	T L A S	M E	
A K E V	G G R R	I R P L	P S L P	W R	
Q K R L	G G A E	S A P Y	P R F H	G G	
S C L T	Q S T L	S P M *	A V C S	C A	
L A S R	R P L L	A R C R	R W A P	V P	

F L L A D P F Y P E A D V G R L F L
 CTT CTC GTC TCG CAG ACC CTT CAT TCC GAG CCG TAG ATG CGG TGC GTC CTT GTC
 51795 51804 51813 51822 51831 51840
 GAA GAG CAG AGC GTC TGG GAA GTA AGG CTC GGC ATC TAC GCC ACG CAG GAA CAG
 E E Q S V W E V R L G I Y A T Q E Q
 K S R A S G K * G S A S T P R R N R
 R A E R L G S K A R H L R H A G T G
 S S I L S C I T L S R Q G S G S * A
 P R S * P V S R * A G R G P G R D R
 R V L D L F L D D P E E A R V G I V
 CGC CTG CTC TAG TTC CTT GTC TAG CAG TCC GAG GAG ACG GGC CTG GGG CTA GTG
 51849 51858 51867 51876 51885 51894
 GCG GAC GAG ATC AAG GAA CAG ATC GTC AGG CTC CTC TGC CCG GAC CCC GAT CAC
 A D E I K E Q I V R L L C P D P D H
 R T R S R N R S S G S S A R T P I T
 G R D Q G T D R Q A P L P G P R S R
 G G Q G T G H D T M I S R S Q S A Y
 G A R G P G T T P * S A A R S R R T
 G R G A R D R P R D H H Q A V A V R
 CGG GGC GGG ACG GGC CAG GGC ACC AGC CAG TAC TAC GAC GCG CTG ACG CTG CGC
 51903 51912 51921 51930 51939 51948
 GCC CCG CCC TGC CCG GTC CCG TGG TCG GTC ATG ATG CTG CGC GAC TGC GAC GCG
 A P P C P V P W S V M M L R D C D A
 P R P A R S R G R S * C C A T A T R
 P A L P G P V V G H D A A R L R R V
 G S S R S C A L I S C S R Q A P R D
 D P V A P A P W S R V P G N L R G I
 I R F Q P L L G P D F L V T S G A S
 ATA GGC CTT GAC GCC CTC GTC CGG TCC TAG CTT GTC CTG GCA ACT CGG CCG GCT
 51957 51966 51975 51984 51993 52002
 TAT CCG GAA CTG CGG GAG CAG GCC AGG ATC GAA CAG GAC CGT TGA GCC GGC CGA
 Y P E L R E Q A R I E Q D R * A G R
 I R N C G S R P G S N R T V E P A D
 S G T A G A G Q D R T G P L S R P I
 R G E V P R S P R P G G A L R R L A
 E A K L R D A Q G L A G R S G V Y L
 R P R * G T P K A S P G G R A S T S
 AGA GCC GGA AGT TGG CCA GCC GAA CCG GCT CCC GGG GGG CGC TCG GCT GCA TCT
 52011 52020 52029 52038 52047 52056
 TCT CGG CCT TCA ACC GGT CGG CTT GGC CGA GGG CCC CCC GCG AGC CGA CGT AGA
 S R P S T G R L G R G P P A S R R R
 L G L Q P V G L A E G P P R A D V E
 S A F N R S A W P R A P R E P T * S

P L H E S P P R D D P D G P M G R V
 P C T N A R R G I T L T A P C G A C
 R A P T R E A A S R * P R R A D R A

 CGC CCG TCC ACA AGC GAG CCG CCG GCT AGC AGT CCC AGC GGC CCG TAG GGC GCG
 52065 52074 52083 52092 52101 52110
 GCG GGC AGG TGT TCG CTC GGC GGC CGA TCG TCA GGG TCG CCG GGC ATC CCG CGC

 A G R C S L G G R S S G S P G I P R
 R A G V R S A A D R Q G R R A S R A
 G Q V F A R R P I V R V A G H P A H

 L R R H S G R G P P L I R S R P S L
 W G D I R G G G P H C S A P V R H S
 G A T S A V G A R T A P H P F A T L

 TGG TCG GCA GCT ACG CTG GGG GCG GGC CCA CCG TCC TAC GCC CTT GCG CCA CTC
 52119 52128 52137 52146 52155 52164
 ACC AGC CGT CGA TGC GAC CCC CGC CCG GGT GGC AGG ATG CGG GAA CGC GGT GAG

 T S R R C D P R P G G R (M) R E R G E X14
 P A V D A T P A R V A G C G N A V R
 Q P S M R P P P G W Q D A G T R * E

 P P P A I P R L S R S A T A R P P R
 P R P R S P A S H A P P P P G P R A
 P A P A R H P P T L P L R H G P A P

 TCC CCG CCC CCG CGC TAC CCC GCC TCA CTC GCC CTC CGC CAC CGG GCC CCG CCC
 52173 52182 52191 52200 52209 52218
 AGG GGC GGG GGC GCG ATG GGG CGG AGT GAG CGG GAG GCG GTG GCC CGG GGC GGG

 R G G G A M G R S E R E A V A R G G
 G A G A R W G G V S G R R W P G A G
 G R G R D G A E * A G G G G P G R A

 S * S A A C A T T S S * A R A T S A
 A E R P P A P P P R R D R V R R R P
 K V L R R L R H D V I V C A G D L

 GCC GAA GTG CTC CGC CGC GTC CGC CAC CAG CTG CTA GTG CGT GCG CGG CAG CTC
 52227 52236 52245 52254 52263 52272
 CGG CTT CAC GAG GCG GCG CAG GCG GTG GTC GAC GAT CAC GCA CGC GCC GTC GAG

 R L H E A A Q A V V D D H A R A V E
 G F T R R R R R W S T I T H A P S R
 A S R G G A G G G R R S R T R R R G

 T R A A R S G I W S C S A R R S S S
 R V P P G P V S G H A V P G A R A P
 G Y P R G Q F R D M L L Q G P A L Q

 CGG CAT GCC CGC CGG GAC CTT GGC TAG GTA CTC GTT GAC CGG GCC GCG CTC GAC
 52281 52290 52299 52308 52317 52326
 GCC GTA CGG GCG GCC CTG GAA CCG ATC CAT GAG CAA CTG GCC CGG CGC GAG CTG

A V R A A L E P I H E Q L A R R E L
 P Y G R P W N R S M S N W P G A S W
 R T G G P G T D P * A T G P A R A G
 T M G T A R S D S R V S P L S R R P
 P * G P P G A T P G * R P C A A G P
 L D D R H G P Q R V E G L A P Q A Q

 CTC CAG TAG GGC CAC CGG GCC GAC AGC CTG GAG TGG CTC CCG TCC GAC GCG GAC
 52335 52344 52353 52362 52371 52380
 GAG GTC ATC CCG GTG GCC CGG CTG TCG GAC CTC ACC GAG GGC AGG CTG CGC CTG

 E V I P V A R L S D L T E G R L R L
 R S S R W P G C R T S P R A G C A W
 G H P G G P A V G P H R G Q A A P G
 S T S F P P N R V T P W T S S A P E
 P P P S P R T G S P R G P A R R R S
 P L H L L A P E P R D A L H E V G A

 CCC CTC CAC CTC TTC CCG CCC AAG GCC TGC CAG CCG GTC CAC GAG CTG CGG CCG
 52389 52398 52407 52416 52425 52434
 G GAG GTG GAG AAG GGC GGG TTC CGG ACG GTC GGC CAG GTG CTC GAC GCC GGC

 G E V E K G G F R T V G Q V L D A G
 G R W R R A G S G R S A R C S T P A
 G G G E G R V P D G R P G A R R R L
 Y R S R W S R P T P C C V A S W V T
 T G A A G A G R P R A A S R R G S P
 R V P Q A L E A P D P L L G G V L R

 AGC ATG GCC GAC GCG GTC GAG GCG CCC CAG CCC GTC GTC TGG CGG CTG GTC TGC
 52443 52452 52461 52470 52479 52488
 TCG TAC CGG CTG CGC CAG CTC CGC GGG GTC GGG CAG CAG ACC GCC GAC CAG ACG

 S Y R L R Q L R G V G Q Q T A D Q T
 R T G C A S S A G S G S R P P T R R
 V P A A P A P R G R A A D R R P D G
 A A A W R I A S A T R S L M A T C M
 P R R G A S R R P Q V P C C R R V C
 H G G G L P D G L S Y P V A D G Y V

 CAC CGG CGG CGG GTC GCC TAG CGG CTC CGA CAT GCC CTG TCG TAG CGG CAT GTG
 52497 52506 52515 52524 52533 52542
 GTG GCC GCC GCC CAG CGG ATC GCC GAG GCT GTA CGG GAC AGC ATC GCC GTA CAC

 V A A A Q R I A E A V R D S I A V H
 W P P P S G S P R L Y G T A S P Y T
 G R R P A D R R G C T G Q H R R T H
 S T S L G S G R V V A S T T A S C T
 R R P C A R A G S W R V P R R A A R
 D V H V P G L G P G G C Q D D R Q V

 TAG CTG CAC CTG TCC GGG CTC GGG GCC TGG TGG CGT GAC CAG CAG CGC GAC GTG

52551 52560 52569 52578 52587 52596
 ATC GAC GTG GAC AGG CCC GAG CCC CGG ACC ACC GCA CTG GTC GTC GCG CTG CAC

 I D V D R P E P R T T A L V V A L H
 S T W T G P S P G P P H W S S R C T
 R R G Q A R A P D H R T G R R A A R

 S T S A P G S A R R A T S A P P A S
 A P P P P G R P V G P R R P P R P A
 H Q H L R A G L C A P G D L R A P R

 CAC GAC CAC CTC CGC CCG GGG CTC CGT GCG GCC CGG CAG CTC CGC CCG CCC CGC
 52605 52614 52623 52632 52641 52650
 GTG CTG GTG GAG GCG GGC CCC GAG GCA CGC CGG GCC GTC GAG GCG GGC GGG GCG

 V L V E A G P E A R R A V E A G G A
 C W W R R A P R H A G P S R R A G R
 A G G G G P R G T P G R R G G R G A

 V F F S P G S S A S A P G A A P R S
 S S S A R G A A P R P P A P P L G A
 Q R L L E A R Q Q G L R P R R C A P

 GAC TGC TTC TTC GAG CCG GGC GAC GAC CGG CTC CGC CCC GGC CGC CGT CCG GCC
 52659 52668 52677 52686 52695 52704
 CTG ACG AAG AAG CTC GGC CCG CTG CTG GCC GAG GCG GGG CCG GCG GCA GGC CGG

 L T K K L G P L L A E A G P A A G R
 * R R S S A R C W P R R G R R Q A G
 D E E A R P A A G R G G A G G R P A

 R M S N A P R A A R P R A S A A T A
 A C A T R P A P R V P V P A P P R P
 Q A H Q E R P P G C P S P R Q R G H

 GAC GCG TAC GAC AAG CGC CCC GCC CGG CGT GCC CCT GCC CGC GAC CGC CGG CAC
 52713 52722 52731 52740 52749 52758
 CTG CGC ATG CTG TTC GCG GGG CGG GCC GCA CGG GGA CGG GCG CTG GCG GCC GTG

 R M L F A G R A A R G R A L A A V
 C A C C S R G G P H G D G R W R P W
 A H A V R G A G R T G T G A G G R G

 S I R A S V S C A S W S P T G G S S
 P S G R V S R A P R G R R H A V A A
 R L D A C Q G L L G V V V T H W R Q

 CGC CTC TAG GCG CGT GAC TGG CTC GTC CGG CTG GTG CTG CCA CAC GGT GGC GAC
 52767 52776 52785 52794 52803 52812
 GCG GAG ATC CGC GCA CTG ACC GAG CAG GCC GAC CAC GAC GGT GTG CCA CCG CTG

 A E I R A L T E Q A D H D G V P P L
 R R S A H * P S R P T T T V C H R C
 G D P R T D R A G R P R R C A T A A

 A W A E T S R S R R G P E S T A A R
 R G P R P R G A A G G P S R P P R G

E G L G R D V Q Q A A R A G L H G G

 GAG CGG GTC CGG AGC CAG CTG GAC GAC GCG GCG GGC CCG AGG CTC CAC CGG CGG
 52821 52830 52839 52848 52857 52866
 CTC GCC CAG GCC TCG GTC GAC CTG CTG CGC CGC CCG GGC TCC GAG GTG GCC GCC

 L A Q A S V D L L R R P G S E V A A
 S P R P R S T C C A A R A P R W P P
 R P G L G R P A A P P G L R G G R P

 T S K S S R E A S Y * P R S A S S E
 P R S R A A S R R T S R G A R R A R
 Q D V E L Q A G G L V V A Q E G L E

 GAC CAG CTG AAG CTC GAC GCG AGG CGG CTC ATG ATG CCG GAC GAG CGG CTC GAG
 52875 52884 52893 52902 52911 52920
 CTG GTC GAC TTC GAG CTG CGC TCC GCC GAG TAC TAC GGC CTG CTC GCC GAG CTC

 L V D F E L R S A E Y Y G L L A E L
 W S T S S C A P P S T T A C S P S S
 G R L R A A L R R V L R P A R R A L

 P R A G S G A A A S P N R G S S T A
 P G R G R G R P P R P T G A P R P P
 R A A G G V G R R G L P E Q R V L H

 AGC CCG GCG CGG GGG CTG GGG CGC CGC CGG CTC CCC AAG GAC GGC CTG CTC CAC
 52929 52938 52947 52956 52965 52974
 TCG GGC CGC GCC CCC GAC CCC GCG GCG GCC GAG GGG TTC CTG CCG GAC GAG GTG

 S G R A P D P A A A E G F L P D E V
 R A A P P T P R R P R G S C R T R W
 G P R P R P R G G R G V P A G R G G

 S R T L V W A S S S V C R R T E S R
 R A P * S G P A R R C A G G P R V A
 G L P D P G L R E V V R V A P D * Q

 CGG CTC GCC CAG TCC TGG GTC CGC GAG CTG CTG TGC GTG GCG GCC CAG AGT GAC
 52983 52992 53001 53010 53019 53028
 GCC GAG CGG GTC AGG ACC CAG GCG CTC GAC GAC ACG CAC CGC CGG GTC TCA CTG

 A E R V R T Q A L D D T H R R V S L
 P S G S G P R R S T T R T A G S H C
 R A G Q D P G A R R H A P P G L T A

 P * W A K P V R K A R A W R R V I R
 R S G P R R C G S R G R G A G S S G
 A A V L G E A G A E G E G L A P R D

 GCG CCG ATG GTC CGG AAG CCG TGG GCG AAG CGG GAG CGG GTC GCG GCC TGC TAG
 53037 53046 53055 53064 53073 53082
 CGC GGC TAC CAG GCC TTC GGC ACC CGC TTC GCC CTC GCC CAG CGC CGG ACG ATC

 R G Y Q A F G T R F A L A Q R R T I
 A A T R P S A P A S P S P S A G R S
 R L P G L R H P L R P R P A P D D P

P S S I P S P L V I W A M A A S A C
 R R R S P A R C S S G P W R R V R A
 E A V L H P E A L R D L G D G C E R

 GAG CCG CTG CTC TAC CCC GAG CCG TTC TGC TAG GTC CGG TAG CGG CGT GAG CGC
 53091 53100 53109 53118 53127 53136
 CTC GGC GAC GAG ATG GGG CTC GGC AAG ACG ATC CAG GCC ATC GCC GCA CTC GCG

 L G D E M G L G K T I Q A I A A L A
 S A T R W G S A R R S R P S P H S R
 R R R D G A R Q D D P G H R R T R A

 R A A S P C L W K M T T Q G A L T S
 G L R R P A S G S * P P R D P W R A
 V * G G L P L A V E H H D T R G A H

 GTG GAT CGG CGG CTC CCC GTC TCG GTG AAG TAC CAC CAG ACA GGC CGG TCG CAC
 53145 53154 53163 53172 53181 53190
 CAC CTA GCC GCC GAG GGG CAG AGC CAC TTC ATG GTG GTC TGT CCG GCC AGC GTG

 H L A A E G Q S H F M V V C P A S V
 T * P P R G R A T S W W S V R P A C
 P S R R G A E P L H G G L S G Q R A

 I L Q V R S V S F R L T S R T V G S
 S * S S G P S R S A C H A A R S V A
 Q D V P G P L G L L A T H Q A H C R

 GAC TAG TTG ACC TGG GCC CTC TGG CTC TTC GCG TCA CAC GAC GCG CAC TGT GGC
 53199 53208 53217 53226 53235 53244
 CTG ATC AAC TGG ACC CGG GAG ACC GAG AAG CGC AGT GTG CTG CGC GTG ACA CCG

 L I N W T R E T E K R S V L R V T P
 * S T G P G R P R S A V C C A * H R
 D Q L D P G D R E A Q C A A R D T A

 C P G S R C S A N A S Q F P R P P T
 A R G R G A P R T R R S S P A P R R
 V A G V P L V R E G V P L P P A A

 GAC GTG CCG GGG CTG GCC GTC CTG CGC AAG CGG CTG ACC TTC CCC GCC CCG CCG
 53253 53262 53271 53280 53289 53298
 CTG CAC GGC CCC GAC CGG CAG GAC GCG TTC GCC GAC TGG AAG GGG CGG GGC GGC

 L H G P D R Q D A F A D W K G R G G
 C T A P T G R T R S P T G R G G A A
 A R P R P A G R V R R L E G A G R R

 A T V V K S A S R P K G A G P P P S
 R P * W R R R A A P S G P A R P R R
 D R D G G E V R Q P A E R R G P A A

 CAG CGC CAG TGG TGG AAG CTG CGC GAC GCC CCG AAG GGC CGC GGG CCC CCG CCG
 53307 53316 53325 53334 53343 53352
 GTC GCG GTC ACC ACC TTC GAC GCG CTG CGG GGC TTC CCG GCG CCC GGG GGC GGC

V A V T T F D A L R G F P A P G G G
S R S P P S T R C G A S R R P G A A
R G H H L R R A A G L P G A R G R R

T P M S T T S S A W * T F F G R V R
P P C A R R P R P G S R S S D G S G
L H A H E D H V L G V V H L I G P G

CTC CAC CCG TAC GAG CAG CAC CTG CTC CGG GTG ATG CAC TTC TTA GGG GCC TGG
53361 53370 53379 53388 53397 53406
GAG GTG GGC ATG CTC GTC GTG GAC GAG GCC CAC TAC GTG AAG AAT CCC CGG ACC

E V G M L V V D E A H Y V K N P R T
R W A C S S W T R P T T * R I P G P
G G H A R R G R G P L R E E S P D P

R E M A T E S H A S C Q S R T S N R
G S W P R R R T P P A S R G R A T G
A A G H G D G L P R L V A V A H Q E

GCG GCG AGG TAC CGG CAG AGG CTC ACC CGC CTC GTG ACG CTG GCG CAC GAC AAG
53415 53424 53433 53442 53451 53460
C CGC TCC ATG GCC GTC TCC GAG TGG GCG GAG CAC TGC GAC CGC GTG CTG TTC

R R S M A V S E W A E H C D R V L F
A A P W P S P S G R S T A T A C C S
P L H G R L R V G G A L R P R A V P

V P V G M S F R T S S N R L R T R I
S R Y A W P S G R R P T G C G P A S
Q G T R G H L V A D L L E A A Q H P

GAC TGG CCA TGC GGG TAC CTC TTG GCG CAG CTC CTC AAG GCG TCG GAC CAC GCC
53469 53478 53487 53496 53505 53514
CTG ACC GGT ACG CCC ATG GAG AAC CGC GTC GAG GAG TTC CGC AGC CTG GTG CGG

L T G T P M E N R V E E F R S L V R
* P V R P W R T A S R S S A A W C G
D R Y A H G E P R R G V P Q P G A D

R W G S S A S A M S S C S P T A P E
G G A R A P P P W R R A R R R P P S
D E L G L Q R L G D V L V V A H R A

TAG GAG GTC GGG CTC GAC CGC CTC CGG TAG CTG CTC GTG CTG CCG CAC CGC CCG
53523 53532 53541 53550 53559 53568
ATC CTC CAG CCC GAG CTG GCG GAG GCC ATC GAC GAG CAC GAC GGC GTG GCG GGC

I L Q P E L A E A I D E H D G V A G
S S S P S W R R P S T S T T A W R A
P P A R A G G G H R R A R R R G G L

L A N R L A T A G T * R R R L W C S
W P T G C P P R V P R D A G C G A P
G L R E A L R D C R D I Q A A V L L

AGG TTC CGC AAG GCG TTC CGC CAG CGT GGC CAG ATA GAC GCG GCG TTG GTC GTC

53577 53586 53595 53604 53613 53622
 TCC AAG GCG TTC CGC AAG GCG GTC GCA CCG GTC TAT CTG CGC CGC AAC CAG CAG
 S K A F R K A V A P V Y L R R N Q Q
 P R R S A R R S H R S I C A A T S R
 Q G V P Q G G R T G L S A P Q P A G
 T R V S S G A S W C V S S H S S G L
 R G * R V G P A G A C P R T P P A W
 V D E G F E R R E L V R V L P L L G
 CTG CAG GAG TGG CTT GAG GGC CGC GAG GTC GTG TGC CTG CTC ACC CTC CTC GGG
 53631 53640 53649 53658 53667 53676
 GAC GTC CTC ACC GAA CTC CCG GCG CTC CAG CAC ACG GAC GAG TGG GAG GAG CCC
 D V L T E L P A L Q H T D E W E E P
 T S S P N S R R S S T R T S G R S P
 R P H R T P G A P A H G R V G G A Q
 V A S S S A * R S A T R A P L K M A
 C P P R P P R G R P R A R R C S * P
 A R R V L L G V A L G H A G A V E H
 TCG TGC CGC CTG CTC CTC CGG ATG GCG CTC CGG CAC GCG CGG CCG TTG AAG TAC
 53685 53694 53703 53712 53721 53730
 AGC ACG GCG GAC GAG GAG GCC TAC CGC GAG GCC GTG CGC GCC GGC AAC TTC ATG
 S T A D E E A Y R E A V R A G N F M
 A R R T R R P T A R P C A P A T S W
 H G G R G G L P R G R A R R Q L H G
 I R L A A Y A R G S R D A F T C R S
 S A C P P T R A D P A T R S P A G A
 R H A P R R V R T R L P G R L H V P
 CGC TAC GCG TCC CGC CGC ATG CGC GCA GGC CTC GCC AGG CGC TTC CAC GTG GCC
 53739 53748 53757 53766 53775 53784
 GCG ATG CGC AGG GCG GCG TAC GCG CGT CCG GAG CGG TCC GCG AAG GTG CAC CGG
 M R R A A Y A R P E R S A K V H R
 R C A G R R T R V R S G P R R C T G
 D A Q G G V R A S G A V R E G A P A
 R S I A S S A A S F P S F T T T N E
 A R S R Q P P R R S R A S P R P T R
 Q A L D S L L G G L V P Q L D H H E
 GAC GCG CTC TAG CGA CTC CTC CGG CGG CTC TTG CCC GAC TTC CAG CAC CAC AAG
 53793 53802 53811 53820 53829 53838
 CTG CGC GAG ATC GCT GAG GAG GCC GCC GAG AAC GGG CTG AAG GTC GTG GTG TTC
 L R E I A E E A A E N G L K V V V F
 C A R S L R R P P R T G * R S W C S
 A R D R * G G R R E R A E G R G V L
 A N R S T S A T T R S A S V S A A P
 R T G P R V P L P V R P A * P R P R

G R E P V Y Q C H Y A L R E R V R G
 AGG CGC AAG GCC CTG CAT GAC CGT CAC CAT GCG CTC CGC GAG TGC CTG CGC CGG
 53847 53856 53865 53874 53883 53892
 TCC GCG TTC CGG GAC GTA CTG GCA GTG GTA CGC GAG GCG CTC ACG GAC GCG GCC
 S A F R D V L A V V R E A L T D A A
 P R S G T Y W Q W Y A R R S R T R P
 R V P G R T G S G T R G A H G R G R
 G P A S A P G C S S G P D S S P R A
 A L P P L L G A P R A P T R L P A L
 P W P R F C A R L V L R P G F L P S
 CCC GGT CCC CGC CTT CGT CCG GGC GTC CTG CTC GGC CCC AGG CTT CTC CCC GCT
 53901 53910 53919 53928 53937 53946
 GGG CCA GGG GCG GAA GCA GGC CCG CAG GAC GAG CCG GGG TCC GAA GAG GGG CGA
 G P G A E A G P Q D E P G S E E G R
 G Q G R K Q A R R T S R G P K R G E
 A R G G S R P A G R A G V R R G A S
 V A S A R P G A T S L A A V G S V G
 W L P H A P G P P P F P L W A P C A
 G C R I R P A R R H F P C G R R V R
 CGG TGT CGC CTA CGC GCC CCG GGC CGC CAC CTT TCC CGT CGG TGC GGC CTG TGC
 53955 53964 53973 53982 53991 54000
 GCC ACA GCG GAT GCG CGG GGC CCG GCG GTG GAA AGG GCA GCC ACG CCG GAC ACG
 A T A D A R G P A V E R A A T P D T
 P Q R M R G A R R W K G Q P R R T R
 H S G C A G P G G G K G S H A G H A
 P W S S I A A T R S V G A G V S R V
 P G P P S R R R V P C V P A S P A S
 R A L L L D G G Y P V C R R R R L P
 GGC CCG GTC CTC CTC TAG CCG CGG CAT GCC CTG TGT GGC CGC GGC TGC CTC GCC
 54009 54018 54027 54036 54045 54054
 CCG GGC CAG GAG GAG ATC GCC GCC GTA CGG GAC ACA CCG GCG CCG ACG GAG CGG
 P G Q E E I A A V R D T P A P T E R
 R A R R R S P P Y G T H R R R R S G
 G P G G D R R R T G H T G A D G A D
 P G R L T G P G R A P R T N P G I E
 P A A C P A P V A P R A H T R A S R
 R P R A P H R S R P G P T H E P R D
 TGC CCC GGC GCG TCC CAC GGC CCT GGC GCC CGG CCC GCA CAC AAG CCC GGC TAG
 54063 54072 54081 54090 54099 54108
 ACG GGG CCG CGC AGG GTG CCG GGA CCG CGG GCC GGG CGT GTG TTC GGG CCG ATC
 T G P R R V P G P R A G R V F G P I
 R G R A G C R D R G P G V C S G R S
 G A A Q G A G T A G R A C V R A D L

P L T G G A R R C C S T S S K A A A
 P C R A A R G G V A A R R R S R R R
 R A A H R G G A S L L E D V V E G G

 AGC CCG TCG CAC GGC GGG CGG GCG GCT GTC GTC GAG CAG CTG CTG AAG CGG CGG
 54117 54126 54135 54144 54153 54162
 TCG GGC AGC GTG CCG CCC GCC CGC CGA CAG CAG CTC GTC GAC GAC TTC GCC GCC

 S G S V P P A R R Q Q L V D D F A A
 R A A C R P P A D S S S S T T S P P
 G Q R A A R P P T A A R R R L R R R

 G P * A T S S A C I S A P P T P R L
 A R D R R V A R A S R P L R L P G *
 R G T V G Y Q E R L D L C A S H A E

 CGC GGC CCA GTG CGG CAT GAC GAG CGC GTC TAG CTC CGT CCG CCT CAC CCG GAG
 54171 54180 54189 54198 54207 54216
 GCG CCC GGT CAC GCC GTA CTG CTC GCG CAG ATC GAG GCA GGC GGA GTG GGC CTC

 P P G H A V L L A Q I E A G G V G L
 R P V T P Y C S R R S R Q A E W A S
 A R S R R T A R A D R G R R S G P Q

 M C A A E T T I R Q S G C S L G V T
 C A P R R R P S G R R A A A * A S R
 V H L G G G H H D E A L R L E L R G

 TTG TAC GTC CGG CGG AGG CAC CAC TAG GAG ACG CTC GGC GTC GAG TTC GGC TGG
 54225 54234 54243 54252 54261 54270
 AAC ATG CAG GCC GCC TCC GTG GTG ATC CTC TGC GAG CCG CAG CTC AAG CCG ACC

 N M Q A A S V V I L C E P Q L K P T
 T C R P P P W * S S A S R S S S R P
 H A G R L R G D P L R A A A Q A D R

 S C W A T A R A W R M P W T R E T R
 R V G P P R G H G G C P G P G S P G
 D F V L R D G T G V A H A L D A R D

 CAG CTT GTG GTC CGC CAG CGG GCA CGG GTG GCG TAC CCG GTC CAG GCG AGC CAG
 54279 54288 54297 54306 54315 54324
 GTC GAA CAC CAG GCG GTC GCC CGT GCC CAC CGC ATG GGC CAG GTC CGC TCG GTC

 V E H Q A V A R A H R M G Q V R S V
 S N T R R S P V P T A W A R S A R S
 R T P G G R P C P P H G P G P L G P

 T C R R S Q V S P T S S R R T R I S
 R A G G A R C P L P P R V G P A S A
 A H V A Q E A R F P H V F A Q H P H

 GCG CAC GTG GCG GAC GAG ACG TGC CTT CCC CAC CTG CTT GCG GAC CAC GCC TAC
 54333 54342 54351 54360 54369 54378
 CGC GTG CAC CGC CTG CTC TGC ACG GAA GGG GTG GAC GAA CGC CTG GTG CGG ATG

R V H R L L C T E G V D E R L V R M
 A C T A C S A R K G W T N A W C G C
 R A P P A L H G R G G R T P G A D A

 S F L D R R N S A * A R R L A T A S
 P S C T G G T R R K R G G C R P R R
 Q L V L G A Q E V S V G A A A R D G

 GAC CTC TTG TTC AGG GCG GAC AAG CTG CGA ATG CGG GCG GCG TCG CGC CAG CGG
 54387 54396 54405 54414 54423 54432
 CTG GAG AAC AAG TCC CGC CTG TTC GAC GCT TAC GCC CGC CGC AGC GCG GTC GCC

 L E N K S R L F D A Y A R R S A V A
 W R T S P A C S T L T P A A A R S P
 G E Q V P P V R R L R P P Q R G R R

 D V G S A T S M E S R A R A R W M T
 T S V P R R R C R P G R G P G G C R
 L R C R V G D V D R V E G Q G A V D

 CTC AGC TGT GGC CTG CGG CAG CTG TAG AGC CTG GAG CGG GAC CGG GCG GTG TAG
 54441 54450 54459 54468 54477 54486
 AG TCG ACA CCG GAC GCC GTC GAC ATC TCG GAC CTC GCC CTG GCC CGC CAC ATC

 E S T P D A V D I S D L A L A R H I
 S R H R T P S T S R T S P W P A T S
 V D T G R R R H L G P R P G P P H R

 S S S C A R N P A H T G T A A G I R
 P P P V P V T P P T L E P R R A * E
 H L L F L C P Q P R S N R D G R R N

 CAC CTC CTC CTT GTC CGT GCC AAC CCC CGC ACT CAA GGC CAG CGG CGC GGA TAA
 54495 54504 54513 54522 54531 54540
 GTG GAG GAG GAA CAG GCA CGG TTG GGG GCG TGA GTT CCG GTC GCC GCG CCT ATT

 V E E E Q A R L G A * V P V A A P I
 W R R N R H G W G R E F R S P R L F
 G G G T G T V G G V S S G R R A Y S

 H H R L H L G A L R H P Q G P P H P
 T T A S T F A R W A T P S V Q L T P
 P P P P P S P G G P P P A S R S P P

 GCC ACC ACC GCC TCC ACT TCC GGG CGG TCC GCC ACC CCG ACT GGA CCT CCC ACC
 54549 54558 54567 54576 54585 54594
 CGG TGG TGG CGG AGG TGA AGG CCC GCC AGG CGG TGG GGC TGA CCT GGA GGG TGG

 R W W R R * R P A R R W G * P G G W
 G G G G G E G P P G G G A D L E G G
 V V A E V K A R Q A V G L T W R V G

 R R G P H E Q L R P H P H H P P L P
 G D E P T N K S D R I H I T H P C L
 A T K R P T R P T A S T S P T P A S

 CCG GCA GAA GGC CCC ACA AGA ACC TCA GCG CCT ACA CCT ACC ACA CCC CCG TCT

54603 54612 54621 54630 54639 54648
 GGC CGT CTT CCG GGG TGT TCT TGG AGT CGC GGA TGT GGA TGG TGT GGG GGC AGA

 G R L P G C S W S R G C G W C G G R
 A V F R G V L G V A D V D G V G A E
 P S S G V F L E S R M W M V W G Q R

 C G R R V P R G R Q R Q L E V Q V V
 A V E V C Q G G E S G S Y S S K F W
 P L R S A S A A R A A A T A R S S G

 CCC GTT GGA GCT GCG TGA CCG GCG GGA GCG ACG GCG ACA TCG AGC TGA ACT TGG
 54657 54666 54675 54684 54693 54702
 GGG CAA CCT CGA CGC ACT GGC CGC CCT CGC TGC CGC TGT AGC TCG ACT TGA ACC

 G Q P R R T G R P R C R C S S T * T
 G N L D A L A A L A A V A R L E P
 A T S T H W P P S L P L * L D L N H

 * T R H E N I E W W V T * C A R R S
 E L A T S M * R G G S P R A P E E V
 S L H P A * K D G V L R D L L S K S

 TGA GTT CAC GCC ACG AGT AAA TAG AGG GTG GTC TGC CAG ATC GTC CGA GAA GCT
 54711 54720 54729 54738 54747 54756
 ACT CAA GTG CGG TGC TCA TTT ATC TCC CAC CAG ACG GTC TAG CAG GCT CTT CGA

 T Q V R C S F I S H Q T V * Q A L R
 L K C G A H L S P T R R S S R L F D
 S S A V L I Y L P P D G L A G S S T

 R R L * P R H G C C R M S A R W S P
 G A S D H G T V A A D C V Q A G P H
 E Q P T M A Q S R L M A Y K R A L I

 GAG GAC GCC TCA GTA CCG GAC ACT GGC GTC GTA GCG TAT GAA CGC GCG GTC CTA
 54765 54774 54783 54792 54801 54810
 CTC CTG CGG AGT CAT GGC CTG TGA CCG CAG CAT CGC ATA CTT GCG CGC CAG GAT

 L R S H G L * P Q H R I L A R Q D
 S C G V M A C D R S I A Y L R A R M
 P A E S W P V T A A S H T C A P G W

 C R T R A L F G S A A V N A R P T P
 V G R G P W F G V P Q W T P E R H L
 S V E D P G S V W Q S G R Q S E T Y

 CCT GTG GAG CAG GCC CGG TCT TTG GGT GAC CGA CGG TGC AAC CGA GAG CCA CAT
 54819 54828 54837 54846 54855 54864
 GGA CAC CTC GTC CGG GCC AGA AAC CCA CTG GCT GCC ACG TTG GCT CTC GGT GTA

 G H L V R A R N P L A A T L A L G V
 D T S S G P E T H W L P R W L S V *
 T P R P G Q K P T G C H V G S R C R

 W T S T I P R R W S P S P A T W D P
 G P A P S R A D G P P H L P R G T R

A L H Q H D P T E L L T F P G D L G

 CCG GTC CAC GAC CAC TAG CCC GCA GAG GTC CTC CCA CTT CCC CGG CAG GTC AGG
 54873 54882 54891 54900 54909 54918
 GGC CAG GTG CTG GTG ATC GGG CGT CTC CAG GAG GGT GAA GGG GCC GTC CAG TCC

 G Q V L V I G R L Q E G E G A V Q S
 A R C W * S G V S R R V K G P S S P
 P G A G D R A S P G G * R G R P V R

 T H P P A C P Y F S S P S G R S N P
 R T R L H A H T S V P P R A G P T R
 A H A S T R M P L F Q L A L G P L E

 CCG CAC ACG CCT CCA CGC GTA CCC ATC TTT GAC CTC CCG CTC GGG GCC CTC AAG
 54927 54936 54945 54954 54963 54972
 GGC GTG TGC GGA GGT GCG CAT GGG TAG AAA CTG GAG GGC GAG CCC CGG GAG TTC

 G V C G G A H G * K L E G E P R E F
 A C A E V R M G R N W R A S P G S S
 R V R R C A W V E T G G R A P G V R

 A S A Y T A S S T A T S K R G G S N
 R V R T P P P A P R P P S E A G R T
 A C E R L H R L Q D R H V K P G G L

 CCG CGT GAG CGC ATC CAC CGC CTC GAC CAG CGC CAC CTG AAA GCC GGG GGG CTC
 54981 54990 54999 55008 55017 55026
 GGC GCA CTC GCG TAG GTG GCG GAG CTG GTC GCG GTG GAC TTT CGG CCC CCC GAG

 G A L A * V A E L V A V D F R P P E
 A H S R R W R S W S R W T F G P P S
 R T R V G G G A G R G G L S A P R V

 S T C C R S G C S S A * * R R A S A
 R H V A G A G V R H L E D D A P V Q
 E I Y L V P E W V I F S M M P P C K

 AAG CTA CAT GTC GTG GCC GAG GGT GTG CTA CTT CGA GTA GTA GCC GCC CGT GAA
 55035 55044 55053 55062 55071 55080
 TTC GAT GTA CAG CAC CGG CTC CCA CAC GAT GAA GCT CAT CAT CGG CGG GCA CTT

 F D V Q H R L P H D E A H H R R A L
 S M Y S T G S H T M K L I I G G H L
 R C T A P A P T R * S S S S A G T C

 T C S R R A N S A V R R R P K W S T
 P A P D G P T R H S G G D Q S G A R
 R H L I E Q R E I R G E T K A E L E

 CGC CAC GTC CTA GAG GAC CGC AAG CTA CGC TGG GAG GCA GAA CCG AAG GTC GAG
 55089 55098 55107 55116 55125 55134
 GCG GTG CAG GAT CTC CTG GCG TTC GAT GCG ACC CTC CGT CTT GGC TTC CAG CTC

 A V Q D L L A F D A T L R L G F Q L
 R C R I S W R S M R P S V L A S S S
 G A G S P G V R C D P P S W L P A R

R T T R R Y A S A C S R A P T T A P
 G R R V A T R A R A P G R P R L R P
 D E D Y P P V R E R L V A R A Y D R

 CAG GAG CAG CAT GCC GCC ATG CGC GAG CGC GTC CTG GCG CGC CCG CAT CAG CGC
 55143 55152 55161 55170 55179 55188
 GTC CTC GTC GTA CGG CGG TAC GCG CTC GCG CAG GAC CGC GCG GGC GTA GTC GCG

 V L V V R R Y A L A Q D R A G V V A
 S S S Y G G T R S R R T A R A * S R
 P R R T A V R A R A G P R G R S R G

 R S C A P C S P T T T G A C P S P R
 D P A P R A P R R Q R V L V P L H G
 T Q L L G P L V A N D Y W C L S I A

 CCA GAC CTC GTC CGG CCC GTC CTG CCG CAA CAG CAT GGT CGT GTC CCT CTA CCG
 55197 55206 55215 55224 55233 55242
 GGT CTG GAG CAG GCC GGG CAG GAC GGC GTT GTC GTA CCA GCA CAG GGA GAT GGC

 G L E Q A G Q D G V V V P A Q G D G
 V W S R P G R T A L S Y Q H R E M A
 S G A G R A G R R C R T S T G R W P

 G S T C W T S S R S C R S S T S R R
 G A R A G H V A G R V A P V P R D G
 E R E H V M Y Q E A F L P F Q D I E

 GAG GGC GAG CAC GTG GTA CAT GAC GAG GCG CTT GTC GCC CTT GAC CAG CTA GAG
 55251 55260 55269 55278 55287 55296
 CTC CCG CTC GTG CAC CAT GTA CTG CTC CGC GAA CAG CGG GAA CTG GTC GAT CTC

 L P L V H H V L L R E Q R E L V D L
 S R S C T M Y C S A N S G N W S I S
 P A R A P C T A P R T A G T G R S P

 C T R S G P L W R A R R T S S N T W
 A H E R G R C G V H G E H R P T R G
 P M N E V G A A L T G K T D L L E D

 GCC GTA CAA GAG CTG GGG CCG TCG GTT GCA CGG GAA GCA CAG CTC CTC AAG CAG
 55305 55314 55323 55332 55341 55350
 CGG CAT GTT CTC GAC CCC GGC AGC CAA CGT GCC CTT CGT GTC GAG GAG TTC GTC

 R H V L D P G S Q R A L R V E E F V
 G M F S T P A A N V P F V S R S S S
 A C S R P R Q P T C P S C R G V R P

 R R P S N S C C P G G G R N S R R S
 A G P R T R A A P A A E G T R D V R
 L A Q A L E L L L P R R G Q E I S A

 GTC GCG GAC CCG CTC AAG CTC GTC GTC CCC GGC GGA GGG GAC AAG CTA GCT GCG
 55359 55368 55377 55386 55395 55404
 CAG CGC CTG GGC GAG TTC GAG CAG CAG GGG CCG CCT CCC CTG TTC GAT CGA CGC

Q R L G E F E Q Q G P P P L F D R R
 S A W A S S S S R G R L P C S I D A
 A P G R V R A A G A A S P V R S T R

 P R R T P S S R K A W P V R R S A R
 H D G R R R P G S Q G P F E A H L G
 I T E E D A L V A K G L S S Q T F G

 CTA CCA GAG GAG CAG CCG CTC CTG GCG AAA CGG GTC CCT TGA GAC GCA CTT CGG
 55413 55422 55431 55440 55449 55458
 GAT GGT CTC CTC GTC GGC GAG GAC CGC TTT GCC CAG GGA ACT CTG CGT GAA GCC

 D G L L V G E D R F A Q G T L R E A
 M V S S S A R T A L P R E L C V K P
 W S P R R R G P L C P G N S A * S P

 R R A P P R C R S A W W G C P R C T
 G G Q P R G A D A Q G G D A H D V P
 A A K R A A Q M Q K G V M R M T S L

 GCG GCG GAA CGC CCG CCG GAC GTA GAC GAA CGG GTG GTA GGC GTA CCA GCT GTC
 55467 55476 55485 55494 55503 55512
 GCG CGC CTT GCG GGC GGC CTG CAT CTG CTT GCC CAC CAT CCG CAT GGT CGA CAG

 R R L A G G L H L L A H H P H G R Q
 A A L R A A C I C L P T I R M V D R
 P P C G R P A S A C P P S A W S T G

 R R G R C S R P T * A P R V G W V C
 E E E A A A E Q L E H Q G L E G C A
 N K K R P L K K S N M S A * S G V R

 CAA GAA GAA GGC GCC GTC GAA GAA CCT CAA GTA CGA CCG GAT TGA GGG GTG TGC
 55521 55530 55539 55548 55557 55566
 GTT CTT CTT CCG CGG CAG CTT CTT GGA GTT CAT GCT GGC CTA ACT CCC CAC ACG

 V L L P R Q L L G V H A G L T P H T
 F F F R G S F L E F M L A * L P T R
 S S S A A A S W S S C W P N S P H A

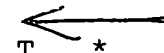
 G Y P G P T S G Y L I R T R T C A S
 G M L V R H R G T C F G L V P A R V
 V W L S G T D V R V F D S Y P H V C

 GTG GGT ATT CCT GGG CCA CAG CTG GGC ATG TTT TAG GCT CAT GCC CAC GTG CGT
 55575 55584 55593 55602 55611 55620
 CAC CCA TAA GGA CCC GGT GTC GAC CCG TAC AAA ATC CGA GTA CGG GTG CAC GCA

 H P * G P G V D P Y K I R V R V H A
 T H K D P V S T R T K S E Y G C T H
 P I R T R C R P V Q N P S T G A R T

 I F A L * A A R C E D R S R R L R V
 S L L W D R Q A V N T G H V V C V F
 Q Y F G I V S R S M R G T F S A F S

 GAC TAT TTT CGG TTA GTG CGA CGC GCT GTA AGC AGG GCA CTT GCT GCG TTT GCT



X15

55629 55638 55647 55656 55665 55674
 CTG ATA AAA GCC AAT CAC GCT GCG CGA CAT TCG TCC CGT GAA CGA CGC AAA CGA

 L I K A N H A A R H S S R E R R K R
 * * K P I T L R D I R P V N D A N E
 D K S Q S R C A T F V P * T T Q T N

 G G G A R G T R R V C G G I W G R Q
 E G V L A V L E V C A V A S G D G S
 S G W W R S W N * A R L R R D M G A

 TGA GGG GGT GGT CGC GCT GGT CAA GAT GCG TGC GTT GGC GGC TAG GTA GGG GCG
 55683 55692 55701 55710 55719 55728
 ACT CCC CCA CCA GCG CGA CCA GTT CTA CGC ACG CAA CCG CCG ATC CAT CCC CGC

 T P P P A R P V L R T Q P P I H P R
 L P H Q R D Q F Y A R N R R S I P A
 S P T S A T S S T H A T A D P S P L

 G C S S R R T V * T S P G R R S P G
 G A V Q G G P * E L V P A E G V P V
 A R L K V E Q D S L Y Q P R E S Q S

 ACG GGC GTT GAA CTG GAG GAC CAG TGA GTT CAT GAC CCC GGA GAG GCT GAC CCT
 55737 55746 55755 55764 55773 55782
 TGC CCG CAA CTT GAC CTC CTG GTC ACT CAA GTA CTG GGG CCT CTC CGA CTG GGA

 C P Q L D L L V T Q V L G P L R L G
 A R N L T S W S L K Y W G L S D W D
 P A T * P P G H S S T G A S P T G T

 P R R R V G R R S R T P S W R G G G
 P G V V Y E E A H A L Q R G V G E E
 R A S S T S R Q T L S N A V L A R R

 GGC CCG GCT GCT GCA TGA GGA GAC GCA CTC GCT CAA CCG CTG GTT GCG GGA GGA
 55791 55800 55809 55818 55827 55836
 CCG GGC CGA CGA CGT ACT CCT CTG CGT GAG CGA GTT GGC GAC CAA CGC CCT CCT

 P G R R R T P L R E R V G D Q R P P
 R A D D V L L C V S E L A T N A L L
 G P T T Y S S A * A S W R P T P S S

 R R G A R G H N G E E R G S H R R R
 V A D R G A M T E K K A D A I V A V
 W P T G G P W P K R R R T R * S P S

 GGT GCC GCA GGG CGG GCC GGT ACC AAA GGA AGA AGC GCA GGC GAT ACT GCC GCT
 55845 55854 55863 55872 55881 55890
 CCA CGG CGT CCC GCC CGG CCA TGG TTT CCT TCT TCG CGT CCG CTA TGA CGG CGA

 P R R P A R P W F P S S R P L * R R
 H G V P P G H G F L L R V R Y D G D
 T A S R P A M V S F F A S A M T A T

 G G R R P G R C R F P R V G F G R R
 D E A D L D V V A S R A Y G S G G V

T	R	R	T	S	T	W	S	L	P	V	P	T	G	R	V	G	S
GCA	GGA	GGC	GCA	GCT	CCA	GGT	GCT	GTC	GCC	TTG	CCC	GCA	TGG	GGC	TTG	GGG	GCT
	55899			55908			55917			55926		55935			55944		
CGT	CCT	CCG	CGT	CGA	GGT	CCA	CGA	CAG	CGG	AAC	GGG	CGT	ACC	CCG	AAC	CCC	CGA
R	P	P	R	R	G	P	R	Q	R	N	G	R	T	P	N	P	R
V	L	R	V	E	V	H	D	S	G	T	G	V	P	R	T	P	D
S	S	A	S	R	S	T	T	A	E	R	A	Y	P	E	P	P	T
G	R	R	L	R	G	R	D	A	G	P	R	R	A	P	R	C	T
V	G	V	F	A	A	A	T	Q	E	Q	D	A	R	Q	G	V	L
S	G	S	S	P	P	R	P	R	S	R	T	P	A	S	A	S	L
GCT	GGG	GCT	GCT	TCC	GCC	GGC	GCC	AGA	CGA	GGA	CCA	GCC	GCG	CGA	CCG	GCT	GTT
	55953			55962			55971			55980		55989			55998		
CGA	CCC	CGA	CGA	AGG	CGG	CCG	CGG	TCT	GCT	CCT	GGT	CGG	CGC	GCT	GGC	CGA	CAA
R	P	R	R	R	R	P	R	S	A	P	G	R	R	A	G	R	Q
D	P	D	E	G	G	R	G	L	L	L	V	G	A	L	A	D	K
T	P	T	K	A	A	A	V	C	S	W	S	A	R	W	P	T	S
P	R	P	R	A	F	A	R	C	L	R	R	P	R	T	R	R	A
P	A	H	A	L	S	R	G	A	F	D	D	P	G	L	E	G	H
H	P	T	P	S	R	V	G	P	L	T	T	Q	A	S	N	A	T
CAC	CCC	GCA	CCC	GCT	CGC	TTG	CGG	GCC	GTT	TCA	GCA	GAC	CCG	GCT	CAA	GCG	GCA
	56007			56016			56025			56034		56043			56052		
GTG	GGG	CGT	GGG	CGA	GCG	AAC	GCC	CGG	CAA	AGT	CGT	CTG	GGC	CGA	GTT	CGC	CGT
V	G	R	G	R	A	N	A	R	Q	S	R	L	G	R	V	R	R
W	G	V	G	E	R	T	P	G	K	V	V	W	A	E	F	A	V
G	A	W	A	S	E	R	P	A	K	S	S	G	P	S	S	P	C
P	G	K	H	L	E	Q	P	P	R	L	R	E	A	S	A	C	S
L	A	R	T	C	N	R	H	L	G	*	D	K	P	Q	R	V	P
C	P	G	Q	A	I	G	T	S	A	E	I	K	R	S	V	C	L
CGT	CCC	GGG	AAC	ACG	TTA	AGG	ACA	CCT	CCG	GAG	TTA	GAA	AGC	CGA	CTG	CGT	GTC
	56061			56070			56079			56088		56097			56106		
GCA	GGG	CCC	TTG	TGC	AAT	TCC	TGT	GGA	GGC	CTC	AAT	CTT	TCG	GCT	GAC	GCA	CAG
A	G	P	L	C	N	S	C	G	G	L	N	L	S	A	D	A	Q
Q	G	P	C	A	I	P	V	E	A	S	I	F	R	L	T	H	R
R	A	L	V	Q	F	L	W	R	P	Q	S	F	G	*	R	T	G
L	C	L	S	N	V	H	G	Q	G	S	R	R	T	A	G	V	L
S	A	C	H	T	S	M	G	R	G	V	G	G	R	R	G	W	L
L	P	V	T	L	Q	C	A	G	A	W	E	A	A	D	G	G	C
CTC	TCC	GTG	TCA	CTC	AAC	TGT	ACG	GGG	ACG	GGT	GAG	GCG	GCG	CAG	CGG	GGG	TGT
	56115			56124			56133			56142		56151			56160		
GAG	AGG	CAC	AGT	GAG	TTG	ACA	TGC	CCC	TGC	CCA	CTC	CGC	CGC	GTC	GCC	CCC	ACA
E	R	H	S	E	L	T	C	P	C	P	L	R	R	V	A	P	T
R	G	T	V	S	*	H	A	P	A	H	S	A	A	S	P	P	Q
E	A	Q	*	V	D	M	P	L	P	T	P	P	R	R	P	H	K

A G G I S S S G E S P L S A D Y G A
 R V V S Q P P G R L H C H H T M G P
 A C W R N L L V G * I A T I R * V R

 TCG CGT GGT GGC TAA CTC CTC CTG GGG AGT CTA CCG TCA CTA CGC AGT ATG GGC
 56169 56178 56187 56196 56205 56214
 AGC GCA CCA CCG ATT GAG GAG GAC CCC TCA GAT GGC AGT GAT GCG TCA TAC CCG

 S A P P I E E D P S D G S D A S Y P
 A H H R L R R T P Q M A (V) M R H T R
 R T T D * G G P L R W Q * C V I P G

 F V P R G * R S P W R P G R R S G R
 S S Q G G E A H R G G R G E G R A E
 R L S A A R L T V A V A A R A A L R

 CGC TTC TGA CCG GCG GGA GTC GCA CTG CCG GTG GCG CCG GGA GCG GCG CTC GGA
 56223 56232 56241 56250 56259 56268
 GCG AAG ACT GGC CGC CCT CAG CGT GAC GGC CAC CGC GGC CCT CGC CGC GAG CCT

 A K T G R P Q R D G H R G P R R E P
 R R L A A L S V T A T A A L A A S L
 E D W P P S A * R P P R P S P R A S

 R R E G R W P R G R P G Y G T R P R
 D G S E G G R G G G L A T D L V R A
 T E A R G A V A A G S P R I W Y A P

 GCA GAG GCG AGA GGG GCG GTG CCG GCG GGG GCT CCC GGC ATA GGT CAT GCG CCC
 56277 56286 56295 56304 56313 56322
 CGT CTC CGC TCT CCC CGC CAC GGC CGC CCC CGA GGG CCG TAT CCA GTA CGC GGG

 R L R S P R H G R P R G P Y P V R G
 V S A L P A T A A P E G R I Q Y A G
 S P L S P P R P P P R A V S S T R A

 P L R R P R C S C R S G * P P G R G
 R C V G H G V A V D H V E L R V V G
 A A S A T A S L * M T F R L A S W A

 GCG CCG TCT GCG GCA CCG GCT GTC GAT GTA GCA CTT GGA GTT CCG CCT GGT GCG
 56331 56340 56349 56358 56367 56376
 CGC GGC AGA CGC CGT GGC CGA CAG CTA CAT CGT GAA CCT CAA GGC GGA CCA CGC

 R G R R R G R Q L H R E P Q G G P R
 A A D A V A D S Y I V N L K A D H A
 R Q T P W P T A T S * T S R R T T P

 N P N R P R V R G R R S T R R R C R
 T R T G L G S A G E D L L V A G V D
 R E P E S A P R A R T S F Y P A S M

 GGC AAG CCC AAG GCT CCG GCC TGC GCG GGA GCA GCT CTT CAT GCC GCG GCT GTA
 56385 56394 56403 56412 56421 56430
 CCG TTC GGG TTC CGA GGC CGG ACG CGC CCT CGT CGA GAA GTA CGG CGC CGA CAT

X16

P F G F R G R T R P R R E V R R R H
 R S G S E A G R A L V E K Y G A D I
 V R V P R P D A P S S R S T A P T S
 A C T C S P G S R S R S R P R R P P
 L A R V L L G Q V A V R D L G G L R
 S R V Y L F A R F P * A I S A E S A

 GCT CGC GTG CAT GTT CTT CCG GGA CTT GCC GAT GCG CTA GCT CCG GAG GCT CCG
 56439 56448 56457 56466 56475 56484
 CGA GCG CAC GTA CAA GAA GGC CCT GAA CGG CTA CGC GAT CGA GGC CTC CGA GGC

 R A H V Q E G P E R L R D R G L R G
 E R T Y K K A L N G Y A I E A S E A
 S A R T R R P * T A T R S R P P R R

 P W P A R R R G P P R R R P G S G C
 L G L R E G G V R R D G G H D L V A
 S A L A S A A S G A T A E T T W F R

 CCT CCG GTT CCG CGA GCG GCG GCT GGG CCG CCA GCG GAG GCA CCA GGT CTT GGC
 56493 56502 56511 56520 56529 56538
 CGA GGC CAA GGC GCT CGC CGC CGA CCC GGC GGT CGC CTC CGT GGT CCA GAA CCG

 G G Q G A R R R P G G R L R G P E P
 E A K A L A A D P A V A S V V Q N R
 R P R R S P P T R R S P P W S R T A

 T * C R R S G S W G A R R P G P G R
 H E A D V R G L G V R G G P A Q V A
 M N L M S A V W V L G G E Q P R S R

 GTA CAA GTC GTA GCT GCG CTG GGT CTG GTT GGG CGG GAG GAC CCC GGA CCT GGC
 56547 56556 56565 56574 56583 56592
 CAT GTT CAG CAT CGA CGC GAC CCA GAC CAA CCC GCC CTC CTG GGG CCT GGA CCG

 H V Q H R R D P D Q P A L L G P G P
 M F S I D A T Q T N P P S W G L D R
 C S A S T R P R P T R P P G A W T A

 P G S S G G G S C S T C R G P S P R
 H V L L V E G Q V A R V G V R V R G
 T S W F F R G R F L E Y V * G S E A

 GCA CCT GGT CTT CTT GGA GGG GGA CTT GTC GAG CAT GTG GAT GGG CCT GAG CCG
 56601 56610 56619 56628 56637 56646
 CGT GGA CCA GAA GAA CCT CCC CCT GAA CAG CTC GTA CAC CTA CCC GGA CTC GGC

 R G P E E P P P E Q L V H L P G L G
 V D Q K N L P L N S S Y T Y P D S A
 W T R R T S P * T A R T P T R T R P

 A P L S P T R * R C R R G C * G C R
 P L S H R R V D D V G A D A D G V A
 P C P T V A Y T M S V P T R M V W L

 GCC CGT CCC TCA CTG CCG CAT GCA GTA GCT GTG GCC GCA GGC GTA GTG GGT GTC

56655 56664 56673 56682 56691 56700
 CGG GCA GGG AGT GAC GGC GTA CGT CAT CGA CAC CGG CGT CCG CAT CAC CCA CAG

 R A G S D G V R H R H R R P H H P Q
 G Q G V T A Y V I D T G V R I T H S
 G R E * R R T S S T P A S A S P T A

 S R R G P R R R S R R W R C R C C R
 V E A A P G G V A V V G D V V V V G
 S K P P R A E * P * S A M S L S L V

 GCT GAA GCC GCC GGC CCG GAG GAT GCC GAT GCT GCG GTA GCT GTT GCT GTT GTG
 56709 56718 56727 56736 56745 56754
 CGA CTT CGG CGG CCG GGC CTC CTA CGG CTA CGA CGC CAT CGA CAA CGA CAA CAC

 R L R R P G L L R L R R H R Q R Q H
 D F G G R A S Y G Y D A I D N D N T
 T S A A G P P T A T T P S T T T T P

 G P R G R G R C A R P R C P R R C R
 G L V A V A V A R V H G A R D G A V
 A W S P W P W P V C T A P V T A P L

 CGG GGT CCT GCC GGT GCC GGT GCC GTG CGT GCA CCG GCC GTG CCA GCG GCC GTT
 56763 56772 56781 56790 56799 56808
 CGC CCA GGA CGG CCA CGG CCA CGG CAC GCA CGT GGC CGG CAC GGT CGC CGG CAA

 R P G R P R P R H A R G R H G R R Q
 A Q D G H G H G T H V A G T V A G N
 P R T A T A T A R T W P A R S P A T

 R R R R W S P W S R L R G R A S C S
 G V A D G L L G L D Y A D A H Q V V
 A * P T A L F A L I T P T R T S F L

 GCG GAT GCC GCA GCG GTT CTT CCG GTT CTA GCA TCC GCA GGC GCA CGA CTT GTT
 56817 56826 56835 56844 56853 56862
 CGC CTA CGG CGT CGC CAA GAA GGC CAA GAT CGT AGG CGT CCG CGT GCT GAA CAA

 R L R R R Q E G Q D R R R P R A E Q
 A Y G V A K K A K I V G V R V L N N
 P T A S P R R P R S * A S A C * T T

 R G P C W R G P R R R C R S P R G S
 G A L A G G G L D D G A D V P D G P
 E P W P V V A W T T A P M S Q T A R

 GAG GCC GGT CCC GTG GTG GCG GGT CCA GCA GCG GCC GTA GCT GAC CCA GCG GGC
 56871 56880 56889 56898 56907 56916
 CTC CGG CCA GGG CAC CAC CGC CCA GGT CGT CGC CGG CAT CGA CTG GGT CGC CCG

 L R P G H H R P G R R R H R L G R P
 S G Q G T T A Q V V A G I D W V A R
 P A R A P P P R S S P A S T G S P G

 R R * A P R R W C T G R R R R R C P
 V G D L R G D G V H G E A A A G V R

F A T L G A T A L M D R P P P A S V

 CTT GCG GCA GTT CGG CCG GCA GCG GTT GTA CAG GGA GCC GCC GCC GCG GCT GTG
 56925 56934 56943 56952 56961 56970
 GAA CGC CGT CAA GCC GGC CGT CGC CAA CAT GTC CCT CGG CGG CGG CGC CGA CAC

 E R R Q A G R R Q H V P R R R R R H
 N A V K P A V A N M S L G G G A D T
 T P S S R P S P T C P S A A A P T R

 G R C P R V C R W P R R R * R R R P
 G E V R G Y A V G H G G A D G E G H
 A R S V A T R L A M A E P T V K A T

 CCG GGA GCT GTG CCG GCA TGC GTT GCG GTA CCG GAG GCC GCA GTG GAA GCG GCA
 56979 56988 56997 57006 57015 57024
 GGC CCT CGA CAC GGC CGT ACG CAA CGC CAT GGC CTC CGG CGT CAC CTT CGC CGT

 G P R H G R T Q R H G L R R H L R R
 A L D T A V R N A M A S G V T F A V
 P S T R P Y A T P W P P A S P S P W

 P R C R T S W R R W S T V R V R * R
 R G A V L R G V G G R P * G C A D G
 A A P L S D V L A E V L D G A R T V

 CCG CCG GCC GTT GCT CAG CTG GTT GCG GAG GTG CTC CAG TGG GCG TGC GCA GTG
 57033 57042 57051 57060 57069 57078
 GGC GGC CGG CAA CGA GTC GAC CAA CGC CTC CAC GAG GTC ACC CGC ACG CGT CAC

 G G R Q R V D Q R L H E V T R T R H
 A A G N E S T N A S T R S P A R V T
 R P A T S R P T P P R G H P H A S P

 P W * P R R S S W S P R W P R S S W
 L G D R D A R R G A R V G L G A V G
 S A M V T P A V V L E S A L A P * E

 GCT CCG GTA GTG CCA GCC GCG CTG CTG GTC GAG CCT GCG GTT CCG GCC GAT GAG
 57087 57096 57105 57114 57123 57132
 GA GGC CAT CAC GGT CGG CGC GAC GAC CAG CTC GGA CGC CAA GGC CGG CTA CTC

 R G H H G R R D D Q L G R Q G R L L
 E A I T V G A T T S S D A K A G Y S
 R P S R S A R R P A R T P R P A T P

 S R S R G R G R R G R N T W * R P R
 V V A G D E V E E G G T R G D G R G
 L * P E T R S R K A G P E D M V E A

 GTT GAT GCC GAG GCA GGA GCT GGA GAA GCG GGG GCC AAG CAG GTA GTG GAG CCG
 57141 57150 57159 57168 57177 57186
 CAA CTA CGG CTC CGT CCT CGA CCT CTT CGC CCC CGG TTC GTC CAT CAC CTC GGC

 Q L R L R P R P L R P R F V H H L G
 N Y G S V L D L F A P G S S I T S A
 T T A P S S T S S P P V R P S P R P

S S L R S P S W C W R R Y T S P S G
 P V * A V R R G V G D G T R R H R G
 Q F E L S E A V L V M E P V D I A V

 GAC CTT GAG TTC GCT GAG CCG CTG GTT GTG GTA GAG GCC ATG CAG CTA CCG CTG
 57195 57204 57213 57222 57231 57240
 CTG GAA CTC AAG CGA CTC GGC GAC CAA CAC CAT CTC CGG TAC GTC GAT GGC GAC

 L E L K R L G D Q H H L R Y V D G D
 W N S S D S A T N T I S G T S M A T
 G T Q A T R R P T P S P V R R W R P

 A R P P R R R A G G R R W G R P W G
 R V H R A G G R E V E G G V G R G G
 G C T A P A A A S W R A A L G E A V

 GGG CGT GCA CCG CCC GCG GCG GCG CGA GGT GGA GCG GCG GTT GGG GAG CCG GTG
 57249 57258 57267 57276 57285 57294
 CCC GCA CGT GGC GGG CGC CGC CGC GCT CCA CCT CGC CGC CAA CCC CTC GGC CAC

 P A R G G R R R A P P R R Q P L G H
 P H V A G A A A L H L A A N P S A T
 R T W R A P P R S T S P P T P R P P

 T G P R W P A S T R R W W R R R * W
 R G L D G R R Q R G G G G G A D D G
 G D W T A V A S V D A A V V P T T V

 GGG CAG GGT CCA GCG GTG CCG CGA CTG CAG GCG GCG GTG GTG GCC GCA GCA GTG
 57303 57312 57321 57330 57339 57348
 CCC GTC CCA GGT CGC CAC GGC GCT GAC GTC CGC CGC CAC CAC CGG CGT CGT CAC

 P V P G R H G A D V R R H H R R R H
 P S Q V A T A L T S A A T T G V V T
 R P R S P R R * R P P P P P A S S P

 G R C P S A W G A G T R R G A A R G
 V G A R A R G V P E Q V D A P P V V
 L G P V P E G L R S R Y T P R R C S

 GTT GGG GCC GTG CCC GAG CCG GTT GGC CGA GGA CAT GCA GCC GGC CGC CGT GCT
 57357 57366 57375 57384 57393 57402
 CAA CCC CGG CAC GGG CTC GCC CAA CCG GCT CCT GTA CGT CGG CCG GCG GCA CGA

 Q P R H G L A Q P A P V R R P A A R
 N P G T G S P N R L L Y V G R R H D
 T P A R A R P T G S C T S A G G T T

 G E P G A S R S C R H S C S * R C S
 V R R A R A E L V G T V V R D A V V
 W G G P G R K S F V P S * V I L S L

 GGT GGG AGG CCC GGG CGC GAA GCT CTT GTG GCC ACT GAT GTG CTA GTC GCT GTT
 57411 57420 57429 57438 57447 57456
 CCA CCC TCC GGG CCC GCG CTT CGA GAA CAC CGG TGA CTA CAC GAT CAG CGA CAA

P P S G P A L R E H R * L H D Q R Q
 H P P G P R F E N T G D Y T I S D N
 T L R A R A S R T P V T T R S A T T

 W P R T G P S P R R R R R C R A R P
 G R D L G R H R D G A D G A V R G R
 E V T S D G T V T E P T E P L A G E

 GAG GTG CCA GCT CAG GGG CCA CTG CCA GAG GCC GCA GAG GCC GTT GCG CGG GAG
 57465 57474 57483 57492 57501 57510
 CTC CAC GGT CGA GTC CCC GGT GAC GGT CTC CGG CGT CTC CGG CAA CGC GCC CTC

 L H G R V P G D G L R R L R Q R A L
 S T V E S P V T V S G V S G N A P S
 P R S S P R * R S P A S P A T R P R

 G R R L P G C R G C T C R R G G P G
 G E G Y L D V D D V R V D A V E L D
 A R A T S T W M T W V Y M P S R W T

 CCG GGA GCG GCA TCT CCA GGT GTA GCA GGT GTG CAT GTA GCC GCT GGA GGT CCA
 57519 57528 57537 57546 57555 57564
 GGC CCT CGC CGT AGA GGT CCA CAT CGT CCA CAC GTA CAT CGG CGA CCT CCA GGT

 G P R R R G P H R P H V H R R P P G
 A L A V E V H I V H T Y I G D L Q V
 P S P * R S T S S T R T S A T S R S

 A S R G R R C P T C A * T T R C R R
 L Q D G G V A R R V R E L R V A G A
 W S I A G S P V A Y V S L D Y P V P

 GGT CGA CTA GCG GGG GCT GCC GTG CCG CAT GTG CGA GTT CAG CAT GCC GTG GCC
 57573 57582 57591 57600 57609 57618
 CCA GCT GAT CGC CCC CGA CGG CAC GGC GTA CAC GCT CAA GTC GTA CGG CAC CGG

 P A D R P R R H G V H A Q V V R H R
 Q L I A P D G T A Y T L K S Y G T G
 S * S P P T A R R T R S S R T A P A

 C N P C C * C W T S P S R R R P P P
 A T R V V D V G R V R H V G G R L R
 P L E S L M L V V Y E T F A E E S A

 GCC GTC AAG CCT GTT GTA GTT GTG GTG CAT GAG CCA CTT GCG GAG GAG CCT CCG
 57627 57636 57645 57654 57663 57672
 CGG CAG TTC GGA CAA CAT CAA CAC CAC GTA CTC GGT GAA CGC CTC CTC GGA GGC

 R Q F G Q H Q H V L G E R L L G G
 G S S D N I N T T Y S V N A S S E A
 A V R T T S T P R T R * T P P R R R

 W R C T S V A P S R C R S S R C R A
 G V A R P F Q P H A V V R V V V G P
 A L P V H F S R T L S L A F * S V P

 CCG GTT GCC GTG CAC CTT TGA CGC CCA CTC GCT GTT GCG CTT GAT GCT GTG GCC

57681 57690 57699 57708 57717 57726
 GGC CAA CGG CAC GTG GAA ACT GCG GGT GAG CGA CAA CGC GAA CTA CGA CAC CGG

 G Q R H V E T A G E R Q R E L R H R
 A N G T W K L R V S D N A N Y D T G
 P T A R G N C G * A T T R T T T P G

 C L R R P A A T R A R G S W D * D D
 A Y V G P R Q L E L G G Q G T R T T
 R M S A Q A S C N * G E R V L G L R

 CGC GTA TCT GCG GAC CCG CGA CGT CAA GAT CGG GAG GGA CTG GTC AGG ATC AGC
 57735 57744 57753 57762 57771 57780
 GCG CAT AGA CGC CTG GGC GCT GCA GTT CTA GCC CTC CCT GAC CAG TCC TAG TCG

 A H R R L G A A V L A L P D Q S * S
 R I D A W A L Q F * P S L T S P S R
 A * T P G R C S S S P P * P V L V V

 E R C P V P D R G P W G R P R G V D
 R A A R C R T G V R G V A L V V W T
 G R P V A G P G S G A L R S S S G R

 GG AGC GCC GTG CCG TGG CCC AGG GCT GGG CCG GTT GGC GCT CCT GCT GGG TGC
 57789 57798 57807 57816 57825 57834
 TCC TCG CGG CAC GGC ACC GGG TCC CGA CCC GGC CAA CCG CGA GGA CGA CCC ACG

 S S R H G T G S R P G Q P R G R P T
 P R G T A P G P D P A N R E D D P R
 L A A R H R V P T R P T A R T T H V

 P G P V G G G A L S D L G A P R P P
 R G R C A A E P L P T S A R Q A P H
 G A G A R R R R C P L R P G S P P T

 AGG CCG GGG CCG TGC GGC GGA GGC CGT TCC CTC AGC TCC GGG CGA CCC GCC CCA
 57843 57852 57861 57870 57879 57888
 TCC GGC CCC GGC ACG CCG CCT CCG GCA AGG GAG TCG AGG CCC GCT GGG CGG GGT

 S G P G T P P P A R E S R P A G R G
 P A P A R R L R Q G S R G P L G G V
 R P R H A A S G K G V E A R W A G W

 Y P T G G G L G K S C P T D G A V C
 T R P A E G W A R R A P P T G L * A
 P V P H R G G L G E L L P H G W S R

 CCC ATG CCC CAC GGA GGG GGG TTC GGG AAG CTC GTC CCC CAC AGG GGT CGA TGC
 57897 57906 57915 57924 57933 57942
 GGG TAC GGG GTG CCT CCC CCC AAG CCC TTC GAG CAG GGG GTG TCC CCA GCT ACG

 G Y G V P P P K P F E Q G V S P A T
 G T G C L P P S P S S R G C P Q L R
 V R G A S P Q A L R A G G V P S Y A

 A A G I P R T G G R A R L R T R R S
 H Q A S P A R V G V P G C D R V A P

M S R R H P A Y G W P G A T A Y P P
GTA CGA CGC GGC TAC CCC GCG CAT GGG GGT GCC CGG GCG TCA GCG CAT GCC GCC
57951 57960 57969 57978 57987 57996
CAT GCT GCG CCG ATG GGG CGC GTA CCC CCA CGG GCC CGC AGT CGC GTA CGG CGG
H A A P M G R V P P R A R S R V R R
M L R R W G A Y P H G P A V A Y G G
C C A D G A R T P T G P Q S R T A G
P S T D P P T R G C H G A D V R P V
L P R T P P H G G A T V P T L V R C
F P V H R P T D A R L S R R * C A A
CTT CCC CTG CAC AGC CCC CCA CAG GCG GGC GTC ACT GGC CGC AGT TGT GCG CCG
58005 58014 58023 58032 58041 58050
GAA GGG GAC GTG TCG GGG GGT GTC CGC CCG CAG TGA CCG GCG TCA ACA CGC GGC
E G D V S G G V R P Q * P A S T R G
K G T C R G V S A R S D R R Q H A A
R G R V G G C P P A V T G V N T R H
E Q G L P A A P G L V S V G R R P G
R R A W P H R R D S S P C G G A R G
G G P G L T G G T R P R V G G P A A
TGG AGG ACC GGG TTC CCA CGG CGG CCA GGC TCC TGC CTG TGG GGG GCC GCG CCG
58059 58068 58077 58086 58095 58104
ACC TCC TGG CCC AAG GGT GCC GCC GGT CCG AGG ACG GAC ACC CCC CGG CGC GGC
T S W P K G A A G P R T D T P R R G
P P G P R V P P V R G R T P P G A A
L L A Q G C R R S E D G H P P A R P
S G C R L G L S R A G G G V G W L G
R G V V C G L A V R V G V W G G C A
G V W L A V W P * A C G W G G G V P
GGG CTG GGT GTT GCG TTG GGT TCC GAT GCG CGT GGG GGT GGG TGG GGG GTG TCC
58113 58122 58131 58140 58149 58158
CCC GAC CCA CAA CGC AAC CCA AGG CTA CGC GCA CCC CCA CCC ACC CCC CAC AGG
P D P Q R N P R L R A P P P T P P H R
P T H N A T Q G Y A H P H P P P T G
R P T T Q P K A T R T P T H P P Q A
G C A H A R A G G G G R S * W R R P
A A P M R V R V G V V A P D G G E P
R R L C A C A C G W W R P I V V K P
GGC GGC GTC CGT ACG CGT GCG CGT GGG GGT GGT GGC GCC CTA GTG GTG GAA GCC
58167 58176 58185 58194 58203 58212
CCG CCG CAG GCA TGC GCA CGC GCA CCC CCA CCA CCG CGG GAT CAC CAC CTT CGG
P P Q A C A R A P P P P R D H H L R
R R R H A H A H P H H R G I T T F G
A A G M R T R T P T T A G S P P S G

G W K T G G R G G S V M R G T T R W
 D G N R G A E G G A * W E G L R V G
 T G M E D R R A G R K G N A W D Y A

 CCA GGG GTA AAG CAG GGC GGA GCG GGG GGC GAA TGG TAA GCG GGT CAG CAT GCG
 58221 58230 58239 58248 58257 58266
 GGT CCC CAT TTC GTC CCG CCT CGC CCC CCG CTT ACC ATT CGC CCA GTC GTA CGC

 G P H F V P P R P P L T I R P V V R
 V P I S S R L A P R L P F A Q S Y A
 S P F R P A S P P A Y H S P S R T P

 N G G G P G A A R V L L V T G T D M
 T G A A R G Q R G F W S C P V R T W
 L E R R G A R G G S G P A R Y G H G

 GTC AAG GGC GGC GGG CCG GGA CGG CGG GCT TGG TCC TCG TGC CAT GGG CAC AGG
 58275 58284 58293 58302 58311 58320
 CAG TTC CCG CCG CCC GGC CCT GCC GCC CGA ACC AGG AGC ACG GTA CCC GTG TCC

 Q F P P P G P A A R T R S T V P V S
 S S R R P A L P P E P G A R Y P C P
 V P A A R P C R P N Q E H G T R V H

 G G G G P G W C G C P D G S C G W P
 V E A G R V G V A A L T G P A A G L
 Y R R G G S G L L R L P G R L L G L

 TAT GGA GGC GGG GGG CCT GGG GTT GTC GGC GTT CCC AGG GGC CTC GTC GGG GTT
 58329 58338 58347 58356 58365 58374
 ATA CCT CCG CCC CCC GGA CCC CAA CAG CCG CAA GGG TCC CCG GAG CAG CCC CAA

 I P P P P G P Q Q P Q G S P E Q P Q
 Y L R P P D P N S R K G P R S S P K
 T S A P R T P T A A R V P G A A P R

 C F A C P W Y G G G D G Y G C P A G
 A S R A P G T G A V T A M G A R R V
 P L V R L A L V R W R R W V R V A C

 CCC GTC TTG CGC GTC CCG GTC ATG GGC GGT GGC AGC GGT ATG GGC GTG CCG CGT
 58383 58392 58401 58410 58419 58428
 GGG CAG AAC GCG CAG GGC CAG TAC CCG CCA CCG TCG CCA TAC CCG CAC GGC GCA

 G Q N A Q G Q Y P P P S P Y P H G A
 G R T R R A S T R H R R H T R T A H
 A E R A G P V P A T V A I P A R R T

 P A G P G Y A Y W W G * P E W L G *
 R P G P V T R T G G G R R S G C G R
 G P G R S R V R V V V G V A G V A G

 GGG CCC CGG GGC CCT GGC ATG CGC ATG GTG GTG GGG ATG CCG AGG GTG TCG GGG
 58437 58446 58455 58464 58473 58482
 CCC GGG GCC CCG GGA CCG TAC GCG TAC CAC CAC CCC TAC GGC TCC CAC AGC CCC

P G A P G P Y A Y H H P Y G S H S P
 P G P R D R T R T T T P T A P T A P
 R G P G T V R V P P P L R L P Q P L

 P R G A G T L P T A M P A R T R P M
 R G G R V R * R R R W R R G P G R C
 V A A G C G D V A D G D A G Q D E A

 ATG CCG GCG GGG CGT GGG CAG TTG CCG CAG CGG TAG CCG CGG GAC CAG GAG CCG
 58491 58500 58509 58518 58527 58536
 TAC GGC CGC CCC GCA CCC GTC AAC GGC GTC GCC ATC GGC GCC CTG GTC CTC GGC

 Y G R P A P V N G V A I G A L V L G
 T A A P H P S T A S P S A P W S S A
 R P P R T R Q R R R H R R P G P R H

 R Q K R G A T P S T S P S I A S A C
 G R S E A P R L A P A P V S R A P A
 D E A K Q R G Y P Q H Q S Q D R Q R

 TAG GAG ACG AAA GAC GGC CGG CAT CCC GAC CAC GAC CCT GAC TAG CGC GAC CGC
 58545 58554 58563 58572 58581 58590
 ATC CTC TGC TTT CTG CCG GCC GTA GGG CTG GTG CTG GGA CTG ATC GCG CTG GCG

 I L C F L P A V G L V L G L I A L A
 S S A F C R P * G W C W D * S R W R
 P L L S A G R R A G A G T D R A G A

 I L F R P S R P L P M A I A P E T S
 S * S A P R A L C P C P S L R N P A
 L D L L P A L S A L A H R Y G T R H

 GTC TAG TTC TTC GCC CCG CTC GCT CCG TTC CCG TAC CGC TAT CGG CCA AGC CAC
 58599 58608 58617 58626 58635 58644
 CAG ATC AAG AAG CGG GGC GAG CGA GGC AAG GGC ATG GCG ATA GCC GGT TCG GTG

 Q I K K R G E R G K G M A I A G S V
 R S R S G A S E A R A W R * P V R C
 D Q E A G R A R Q G H G D S R F G A

 E Q T P S T R H V T D S D V P K V E
 R R R R V R G T S P T A T W P S * R
 E G A D S E D Q P R H R Q G R A E G

 GAG AGG ACG CAG CCT GAG CAG GAC ACC TGC CAC AGC GAC AGG TGC CCG AAG TGG
 58653 58662 58671 58680 58689 58698
 CTC TCC TGC GTC GGA CTC GTC CTG TGG ACG GTG TCG CTG TCC ACG GGC TTC ACC

 L S C V G L V L W T V S L S T G F T
 S P A S D S S C G R C R C P R A S P
 L L R R T R P V D G V A V H G L H L

 S T T S P K L S A A L P S P V G * A
 R R R R R S * P R R S R R P C G R R
 G V D D V A E L V G R A A L A G G V

 AGG CTG CAG CAG CTG CCG AAG TTC CTG CGG CGC TCG CCG CTC CCG TGG GGG ATG

58707 58716 58725 58734 58743 58752
 TCC GAC GTC GTC GAC GGC TTC AAG GAC GCC GCG AGC GGC GAG GGC ACC CCC TAC

 S D V V D G F K D A A S G E G T P Y
 P T S S T A S R T P R A A R A P P T
 R R R R R L Q G R R E R R G H P L R

 R A L P S Q K S E A V S V R S P A A
 G R W P R S S R S P S R C G P P R P
 G E G L A V A E V R R G V G Q L A R

 CGG GAG CGG TTC CCG CTG ACG AAG CTG AGC CGC TGG CTG TGG GAC CTC CCG CGC
 58761 58770 58779 58788 58797 58806
 GCC CTC GCC AAG GGC GAC TGC TTC GAC TCG GCG ACC GAC ACC CTG GAG GGC GCG

 A L A K G D C F D S A T D T L E G A
 P S P R A T A S T R R P T P W R A R
 P R Q G R L L R L G D R H P G G R G

 * S T S S T G Q E A A C S P S T N A
 R R R P R P A R S R R A R R R P T R
 G V V H V L H G A G G R V V A L H E

 CGG ATG CTG CAC CTG CTC CAC GGG ACG AGG CGG CGC GTG CTG CCG CTC CAC AAG
 58815 58824 58833 58842 58851 58860
 GCC TAC GAC GTG GAC GAG GTG CCC TGC TCC GCC GCG CAC GAC GGC GAG GTG TTC

 A Y D V D E V P C S A A H D G E V F
 P T T W T R C P A P P R R T T A R C S
 L R R G R G A L L R R A R R R G V R

 T T V R G P P A K G P S S S S V R V
 P R * G G R R R R G P R R R V * G S
 R D D G E G A A G E R A V V F E G P

 CGC CAG CAG TGG GAG GGC CCG CCG CGG AAG GGC CCG CTG CTG CTT GAG TGG GCC
 58869 58878 58887 58896 58905 58914
 GCG GTC GTC ACC CTC CCC GGC GGC GCC TTC CCG GGC GAC GAC GAA CTC ACC CGG

 A V V T L P G G A F P G D D E L T R
 R S S P S P A A P S R A T T N S P G
 G R H P P R R R L P G R R R T H P D

 A S S L H * A S E A A V G H V G P G
 R R P C T N R A R R R * A M S V Q A
 G G L V L T V R E G G S R W P C R P

 TGG CGG CTC CTG TTC ACA ATG CGC GAG AGG CGG CGA TGC GGT ACC TGT GGA CCC
 58923 58932 58941 58950 58959 58968
 ACC GCC GAG GAC AAG TGT TAC GCG CTC TCC GCC GCT ACG CCA TGG ACA CCT GGG

 T A E D K C Y A L S A A T P W T P G
 P P R T S V T R S P P L R H G H L G
 R R G Q V L R A L R R Y A M D T W A

 Y R V V R V D V V E D R G A L A P A
 T G S S A S T * * K M G V R W L Q R

R V P R R P R R S S * G S G G S S A

GGC ATG GCC TGC TGC GCC TGC AGA TGA TGA AGT AGG GCT GGG CGG TCT CGA CCG
58977 58986 58995 59004 59013 59022
CCG TAC CGG ACG ACG CGG ACG TCT ACT ACT TCA TCC CGA CCC GCC AGA GCT GGC

P Y R T T R T S T T S S R P A R A G
R T G R R G R L L L H P D P P E L A
V P D D A D V Y Y F I P T R Q S W R

E A V A L D G A Q E A G R L V V A L
K P S R S I V Q R N P A V C S S P L
S R R G R S * R G T R R W A P R R C

CGA AGC CGC TGG CGC TCT AGT GGA CGG ACA AGC CGC GGT GCG TCC TGC TGC CGT
59031 59040 59049 59058 59067 59076
GCT TCG GCG ACC GCG AGA TCA CCT GCC TGT TCG GCG CCA CGC AGG ACG ACG GCA

A S A T A R S P A C S A P R R T T A
L R R P R D H L P V R R H A G R R Q
F G D R E I T C L F G A T Q D D G K

Q G A * Q A A V R R C E V G V L D G
S V P E S R L S G V V S S A S W T A
A S R S V A C R G S S V R R R G P R

TCG ACT GGC CGA GTG ACG CGT CGC TGG GCT GCT GTG AGC TGC GGC TGG TCC AGC
59085 59094 59103 59112 59121 59130
AGC TGA CCG GCT CAC TGC GCA GCG ACC CGA CGA CAC TCG ACG CCG ACC AGG TCG

S * P A H C A A T R R H S T P T R S
A D R L T A Q R P D D T R R R P G R
L T G S L R S D P T T L D A D Q V A

E E G R G V G D V G R Q V L L R L F
K R E A V L A T S V A S Y S S G S S
R G R R S W R R R C R A T R P A P P

GGA AGG AGA GGC GCT GGT TGC GGC AGC TGT GGC GCG ACA TGC TCC TCG GCC TCC
59139 59148 59157 59166 59175 59184
GCT TCC TCT CCG CGA CCA ACG CCG TCG ACA CCG CGC TGT ACG AGG AGC CGG AGG

P S S P R P T P S T P R C T R S R R
L P L R D Q R R R H R A V R G A G G
F L S A T N A V D T A L Y E E P E E

V R L V V Q G R V L G P R L V D V G
Y A S S S R A A F L A Q A F S T W A
I R P P R G P R S C P R P S P R G R

TTA TGC GCC TCC TGC TGG ACC GGC GCT TGT TCC GGA CCC GCT TCC TGC AGG TGC
59193 59202 59211 59220 59229 59238
AAT ACG CGG AGG ACG ACC TGG CCG CGA ACA AGG CCT GGG CGA AGG ACG TCC ACG

N T R R T T W P R T R P G R R T S T
I R G G R P G R E Q G L G E G R P R
Y A E D D L A A N K A W A K D V H A

H E A L L D L A A R V C S A S P R R
T S P S C I S P Q A S V A P R L A G
R A R R A S R P S R P C L Q G F P A

GGC ACG AGC CGC TCG TCT AGC TCC CGA CGC GCC TGT GTC GAC CGG CTT CCC GCG
59247 59256 59265 59274 59283 59292
CCG TGC TCG GCG AGC AGA TCG AGG GCT GCG CGG ACA CAG CTG GCC GAA GGG CGC

P C S A S R S R A A R T Q L A E G R
R A R R A D R G L R G H S W P K G A
V L G E Q I E G C A D T A G R R A P

R A P R R D P R P S P P R G S P S P
G L R D G I Q D L L H L V G P L V P
A S G T A S R T S S I S S A R F S Q

GCG GCT CGG CCA GCG GCT AGA CCA GCT CCT CTA CCT CCT GCG GGC CTT CCT GAC
59301 59310 59319 59328 59337 59346
CGC CGA GCC GGT CGC CGA TCT GGT CGA GGA GAT GGA GGA CGC CCG GAA GGA CTG

R R A G R R S G R G D G G R P E G L
A E P V A D L V E E M E D A R K D W
P S R S P I W S R R W R T P G R T G

S P P P P W S R P C T S C T S R C R
R L R R R G R V R V R V V R V V V A
A F A A A A V F A S V Y * V Y * S L

CCG CTT CCG CCG CCG CCG GTG CTT GCG CCT GTG CAT GAT GTG CAT GAT GCT GTC
59355 59364 59373 59382 59391 59400
GGC GAA GGC GGC GGC GGC CAC GAA CGC GGA CAC GTA CTA CAC GTA CTA CGA CAG

G E G G G G H E R G H V L H V L R Q
A K A A A A T N A D T Y Y T Y Y D S
R R R R R P R T R T R T T R T T T A

I R T R R R G R S R * R A C P E P G
S V L V D V A G R G D G R A L S Q A
P Y S Y T S P G A V T V A R L A R P

GCC TAT GCT CAT GCA GCT GCC GGG GCG CTG GCA GTG GCG CGC GTT CCG AGA CCC
59409 59418 59427 59436 59445 59454
CGG ATA CGA GTA CGT CGA CGG CCC CGC GAC CGT CAC CGC GCG CAA GGC TCT GGG

R I R V R R R P R D R H R A Q G S G
G Y E Y V D G P A T V T A R K A L G
D T S T S T A P R P S P R A R L W A

P C W R A T T R P P G R C R R C R S
Q V G G H R R V L L V G A G A V A P
R S V V T G D Y S S S G P V P S L P

GGA CCT GTG GTG GCA CGG CAG CAT GCT CCT CCT GGG GCC GTG GCC GCT GTC GCC
59463 59472 59481 59490 59499 59508
CCT GGA CAC CAC CGT GCC GTC GTA CGA GGA GGA CCC CGG CAC CGG CGA CAG CGG

P G H H R A V V R G G P R H R R Q R
 L D T T V P S Y E E D P G T G D S G
 W T P P C R R T R R T P A P A T A G

 R P R C R R R G * H T L P P T L A A
 A L A A A A A A E I H S R L H S R P
 L S P P L P P P R L T H A S T H A R

 CTC GCT CCC GCC GTC GCC GCC GCC GGA GTT ACA CAC TCG CCT CCA CAC TCG CGC
 59517 59526 59535 59544 59553 59562
 GAG CGA GGG CGG CAG CGG CGG CGG CCT CAA TGT GTG AGC GGA GGT GTG AGC GCG

 E R G R Q R R R P Q C V S G G V S A
 S E G G S G G G L N V * A E V * A R
 A R A A A A A A S M C E R R C E R G

 I A P L F H R R L A R R V C L D D C
 * L P S F T G A Y L G G C A C T M V
 S Y R P S L A Q T F G E A R V L * *

 CGA TAT CGC CCC TCT TTC ACG GAC GCA TTT CGG GAG GCG TGC GTG TTC AGT AGT
 59571 59580 59589 59598 59607 59616
 GCT ATA GCG GGG AGA AAG TGC CTG CGT AAA GCC CTC CGC ACG CAC AAG TCA TCA

 A I A G R K C L R K A L R T H K S S
 L * R G E S A C V K P S A R T S H H
 Y S G E K V P A * S P P H A Q V I T

 R T I R Q G K S A R S L G P N G P Q
 D L S E R A K A Q V P C G L T A L S
 M S H N E P R Q K C P V V W P Q W A

 GTA GCT CAC TAA GAG ACC GGA AAC GAA CGT GCC CTG TTG GGT CCC AAC GGT CCG
 59625 59634 59643 59652 59661 59670
 CAT CGA GTG ATT CTC TGG CCT TTG CTT GCA CGG GAC AAC CCA GGG TTG CCA GGC

 H R V I L W P L L A R D N P G L P G
 I E * F S G L C L H G T T Q G C Q A
 S S D S L A F A C T G Q P R V A R L

 Q Q R Y L S I P A A L S K R H A A P
 N S D T C A S P L P W H S E T L L R
 T A T Q V L Q H S R G T V K P S C G

 ACA ACG ACA GAC ATG TTC GAC TAC CCT CGC CGG TCA CTG AAA GCC ACT CGT CGG
 59679 59688 59697 59706 59715 59724
 TGT TGC TGT CTG TAC AAG CTG ATG GGA GCG GCC AGT GAC TTT CGG TGA GCA GCC

 C C C L Y K L M G A A S D F R * A A
 V A V C T S * W E R P V T F G E Q P
 L L S V Q A D G S G Q * L S V S S R

 T G A R R P H D G C S S R * R N V A
 H V Q A D R T I E A L L D D V T * Q
 T Y R R T A P S R R L F I T L P E S

 CCA CAT GGA CGC GCA GCG CCC ACT AGA GGC GTT CTT CTA GCA GTT GCC AAG TGA

59733 59742 59751 59760 59769 59778
 GGT GTA CCT GCG CGT CGC GGG TGA TCT CCG CAA GAA GAT CGT CAA CGG TTC ACT

 G V P A R R G * S P Q E D R Q R F T
 V Y L R V A G D L R K K I V N G S L
 C T C A S R V I S A R R S S T V H C

 V A C G G G T G P W S G
 W R V G A E R G L G P D
 G G C V R R G D W A L I

 CGG TGG CGT GTG GGC GGA GGG CAG GGT CCG GTC CTA GG 5'
 59787 59796 59805 59814
 GCC ACC GCA CAC CCG CCT CCC GTC CCA GGC CAG GAT CC 3'

 A T A H P P P V P G Q D
 P P H T R L P S Q A R I
 H R T P A S R P R P G S

Genetic map of the 100 kb region on chromosome 10p12. The map shows 25 genes represented by boxes with their names below. The genes are: SNR1, SNR2, SNR3, SNR8, SNR9, SNR10, SNR12, SNR1, SNR10, SNR1, SNR1, SNR1, SNR1, SNR1, SNR1, SNR1, SNR1, SNR1, SNR1, SNR1, SNR1, SNR1, SNR1, SNR1, SNR1, SNR1. The map is oriented with the centromere (CEN) at the top and the telomere (TEL) at the bottom. The scale bar at the top indicates 100 kb.

BMX13

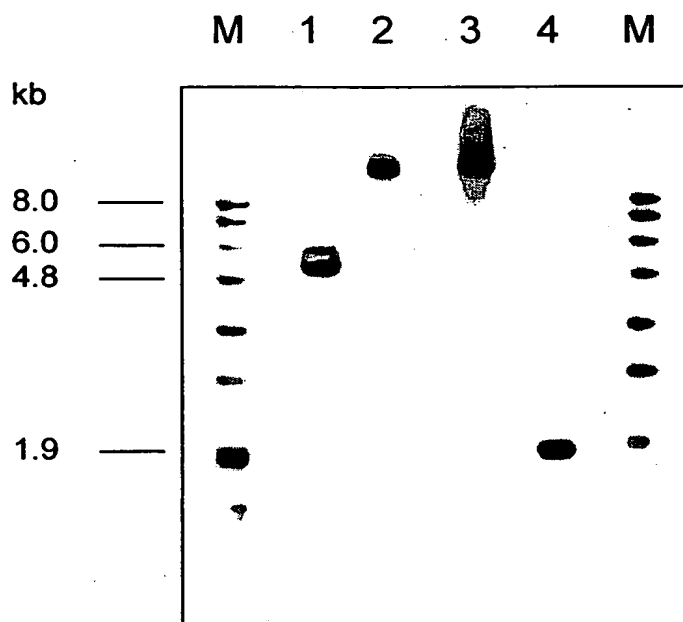
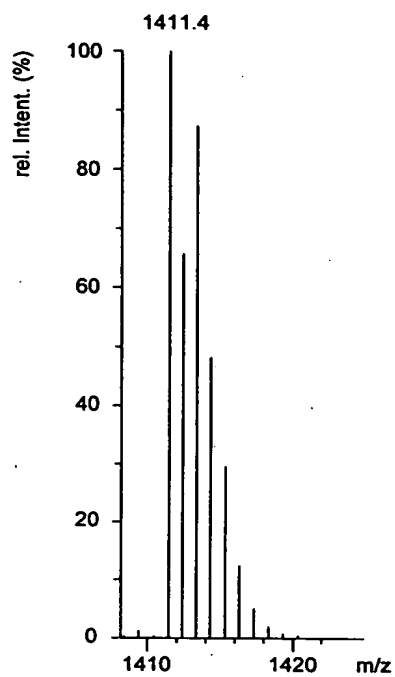
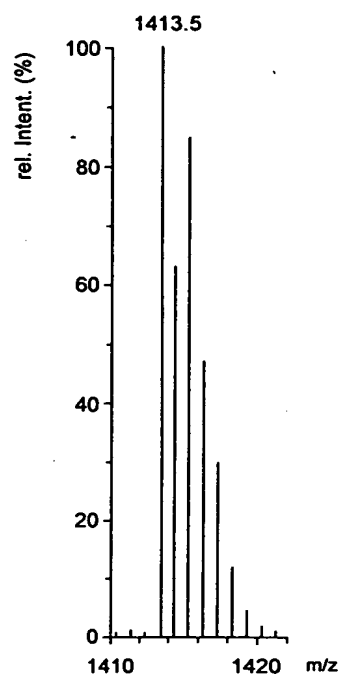


Abb. 110

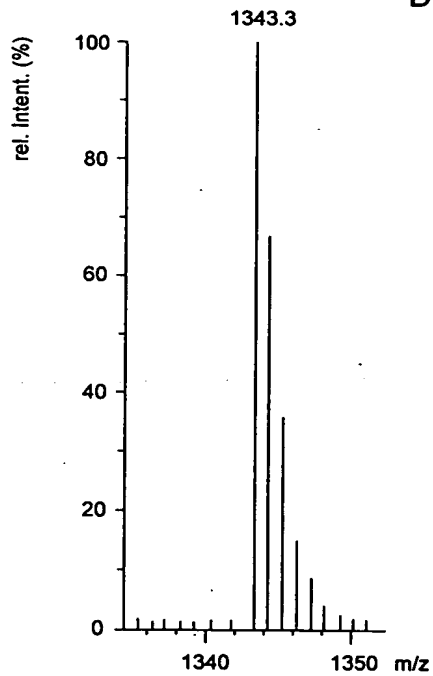
A



B



C



D

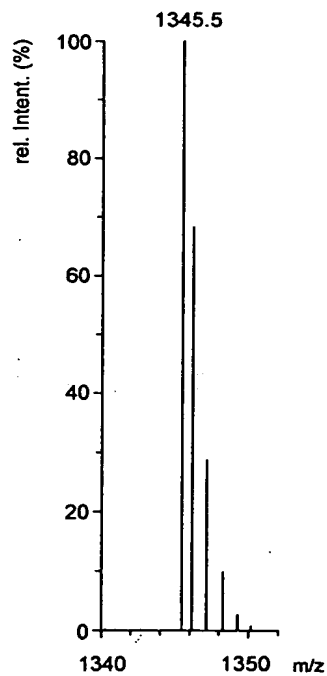


Abb. 114

M=436

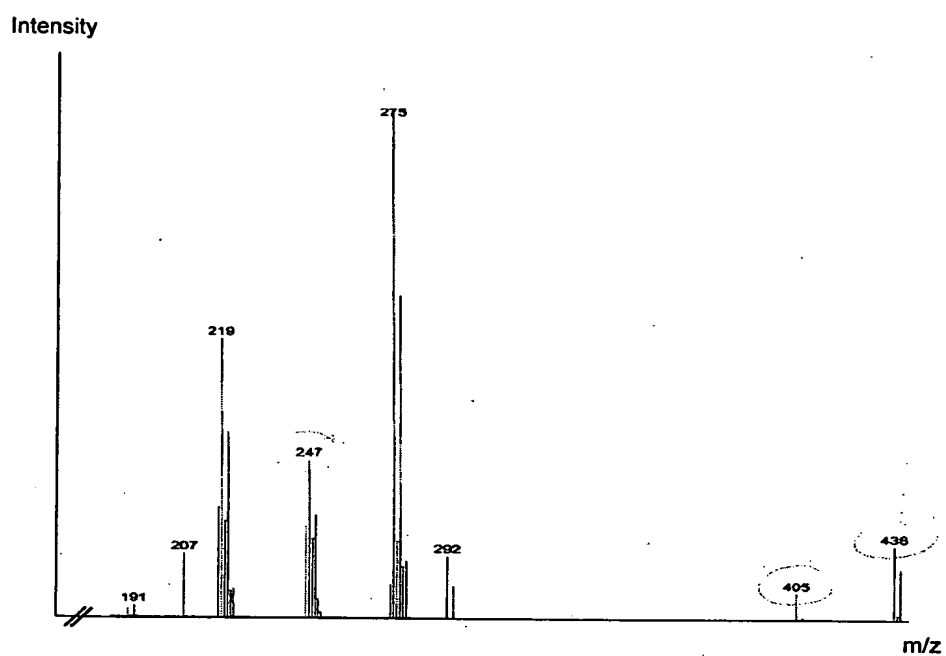
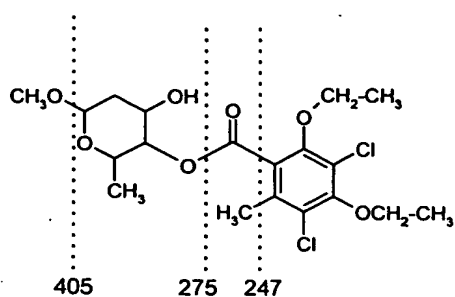


Abb. 112